

**Kevätvehnän lehtilaikkutautien kestävyiden kehittäminen:
maatiaiskevätsvehnien lehtilaikkutautikestävyyden kartoitus**

Elina Seppä
Maisterintutkielma
Helsingin yliopisto
Maataloustieteiden osasto
Kasvipatologia
Syyskuu 2020

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Maatalous-metsätieteellinen tiedekunta		Laitos — Institution — Department Maataloustieteiden osasto	
Tekijä — Författare — Author Elina Seppä			
Työn nimi — Arbets titel — Title Kevätvehnän lehtilaikkutautien kestävyiden kehittäminen: maatiaiskevätevehnien lehtilaikkutautikestävyiden kartoitus			
Oppiaine — Läroämne — Subject Kasvintuotantotieteet, kasvipatologia			
Työn laji — Arbets art — Level Maisterintutkielma	Aika — Datum — Month and year Syyskuu 2020	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 53 s.	
Tiivistelmä — Referat — Abstract <p>Lajikkeiden taudinkestävyys on sekä ympäristölle että viljelijälle taloudellinen keino hallita kasvustoja yleisesti haittaavia taudinaiheuttajia. Eurooppalaisissa kevätevehnälajikkeissa lehtilaikkutautien kestävyiden jalostus on jäänyt vähemmälle huomille erityisesti Suomessa merkittävien ruskolaikun ja pistelaikun osalta.</p> <p>Tässä tutkielmassa etsittiin uusia taudinkestävyysläheteitä laajasta maataiskevätevehnäaineistosta. Tutkimuksessa seulottiin neljä vehnän geenipankkiaineistoa ja selvitettiin maataiskevätevehnälajikkeiden kestävyys suomalaisia <i>Parastagonospora nodorum</i> sekä <i>Pyrenophora tritici-repentis</i> -isolaatteja vastaan. Tutkimuksessa oli mittarilajikkeina kolme yleisessä viljelyssä olevaa kevätevehnälajiketta, joihin maataisvehnien taudinkestävyyttä verrattiin. Tutkimus kuului yhtenä osana Luonnonvarakeskuksen (Luke) Hyötygeeni-hankeeseen (Geenivarat hyötykäyttöön – työkalupakki kasvinjalostuksen tarpeisiin), jossa tutkittiin esijalostuksen ketjua osana kasvinjalostusprosessia.</p> <p>Maataisvehnistä löydettiin lehtilaikkutautien kestävyyttä hyvin ilmentäviä genotyypppejä. Vehnän lehtilaikkutauteja hyvin kestävät maataisvehnät olivat kotoisin Kiinasta ja Ruotsista. Erinomainen sekä pistelaikun että ruskolaikun kestävyys havaittiin gotlantilaisella yksijyvëvehnällä (NGB 4497).</p> <p>Taudinkestävyiden lähteiden etsintää tulee jatkaa entistä laajemmin maatais- ja villilajeista sekä samalla kehittää uusia taudinkestävyiden seulontamuotoja ja tekniikoita. Lopullisena tavoitteena on kuitenkin varmistaa, että satotasot ja viljelyvarmuus pysyvät hyvinä ja varmistetaan kotimaisen laadukkaan kevätevehnän tutkimus, jalostus ja tuotanto Suomessa.</p>			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords Vehnä, lehtilaikkutaudit, pistelaikku, ruskolaikku, maataislajikkeet, taudinkestävyys, kasvinjalostus			
Ohjaaja tai ohjaajat — Handledare — Supervisor or supervisors Marja Jalli, Asko Hannukkala, Jari Valkonen			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited Maataloustieteiden osasto			

Tiedekunta/Osasto — Fakultet/Sektion — Faculty Faculty of Agriculture and Forestry		Laitos — Institution — Department Department of Agricultural Sciences	
Tekijä — Författare — Author Elina Seppä			
Työn nimi — Arbetets titel — Title Development of leaf spot disease resistance in spring wheat: Mapping of leaf spot resistance in spring wheat landraces			
Oppiaine — Läroämne — Subject Plant production science, plant pathology			
Työn laji — Arbetets art — Level Master's thesis		Aika — Datum — Month and year September 2020	Sivumäärä — Sidoantal — Number of pages 53 p.
Tiivistelmä — Referat — Abstract <p>Variety resistance in an economic means for the environment and the farmer to control pathogens that generally affect crops. In European spring wheat varieties, the resistance to leaf spot diseases has received less attention, especially with regard to significant <i>parastagonospora nodorum</i> blotch (also known as leaf and glume blotch) and tan spot in Finland.</p> <p>In this dissertation, new sources of disease resistance were sought from an extensive collection of spring wheat landraces. The resistance of four wheat gene bank material was screened and investigated against Finnish <i>Parastagonospora nodorum</i> and <i>Pyrenophora tritici-repentis</i> isolates. The study included three commonly grown spring wheat varieties to which the disease resistance of landraces was compared. The study was part of the Natural Resources Institute Finland's (Luke) Hyötygeeni-project (Genetic Resources for Utilization - A Toolkit for Plant Breeding), which examined the pre-breeding chain as a part of the plant breeding process.</p> <p>Genotypes expressing a resistance to the leaf spot diseases were found from the studied spring wheat landraces. Landraces, which were found to be highly resistant to the wheat leaf spot diseases, was native to China and Sweden. Excellent durability to/for both <i>parastagonospora nodorum</i> blotch and tan spot was observed in Gotland single grain (ein korn) wheat (NGB 4497).</p> <p>The research for sources of disease resistance must be continued even more widely in landraces and wild species, and at the same time new forms and technologies of disease resistance screening must be developed.</p> <p>Ultimately, however, the aim is to ensure that yield levels and crop security remain good and to ensure research, breeding and production of domestic high-quality spring wheat in Finland.</p>			
Avainsanat — Nyckelord — Keywords Wheat, Leaf spot diseases, <i>Parastagonospora nodorum</i> blotch, tan spot, landraces, plant breeding			
Ohjaaja tai ohjaajat — Handledare — Supervisor or supervisors Marja Jalli, Asko Hannukkala, Jari Valkonen			
Säilytyspaikka — Förvaringsställe — Where deposited Department of Agricultural Sciences			

Sisällys

1 JOHDANTO	6
2 VEHNÄN VIJELY	7
3 VEHNÄN LEHTILAIKKUTAUDIT.....	8
3.1 Pistelaikku	9
3.1.1 Taudinaiheuttaja ja morfologia	9
3.1.2 Infektio ja elinkierto.....	10
3.1.3 Oireet	10
3.2 Ruskolaikku.....	11
3.2.1 Taudinaiheuttaja ja morfologia	11
3.2.2 Infektio ja elinkierto.....	12
3.2.3 Oireet	12
4 VEHNÄN LEHTILAIKKUTAUTIEN HALLINTA.....	13
4.1 Ennaltaehkäisevät viljelytoimet	13
4.2 Kemiallinen kasvinsuojelu	14
4.3 Kestävät lajikkeet	15
5 VEHNÄN TAUDINKESTÄVYYSJALOSTUS	15
5.1 Taudinkestävyys ja kasvin puolustusmekanismit.....	15
5.2 Taudinkestävyysjalostus ja haasteet	17
6 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET	18
7 AINEISTOT JA MENETELMÄT	19
7.1 Tutkimusympäristö.....	19
7.2 Kevätvehnäaineisto	19
7.3 Kenttäkokeen perustaminen – Hill Plot -kylvö.....	20
7.4 Kevätvehnien tartutus	21
7.5 Tautihavainnointi.....	23
7.6 Tilastolliset menetelmät.....	24
8 TULOKSET	25
8.1 Mittarilajikkeet	25
8.2 Genotyyppien vertailu mittarilajikkeisiin	26
8.3 Taudinkestävimät genotyypit ja niiden vertailu.....	30

9 TULOSTEN TARKASTELU	31
10 JOHTOPÄÄTÖKSET.....	33
11 KIITOKSET	34
12 LÄHTEET	35
13 LIITTEET	43

1 JOHDANTO

Muutokset ilmastossa ja viljely-ympäristössä lisäävät peltokasvien viljelyn haasteita. Kasvintuhoojien merkitys suomalaisessa peltoviljelyssä on jatkuvassa muutoksessa. Suomalaisen tutkimuksen mukaan keskilämpötilan kohoaminen yhdellä asteella tuo mukanaan yhden tautitorjuntakerran lisää vuodessa (Peltonen-Sainio ym. 2008, Hakala ym. 2011). Kasvitautilien torjuntaan käytettyjen tehoaineiden käyttö ja myynti ovat olleet tasaisessa kasvussa vuodesta 1996 vuoteen 2009 asti (Tukes 2020). Tämän jälkeen kasvinsuojeluaineiden kokonaiskäyttömäärä on laskenut noin neljänneksellä vuodesta 2013 vuoteen 2018 (Luonnonvarakeskus 2020).

Viljelemällä taudinkestäviä lajikkeita torjunta-aineiden käytöstä aiheutuneita kustannuksia ja ympäristökuormitusta voidaan vähentää. Taudinkestävien lajikkeiden viljelyllä saavutettaisiin vähintään samat hyödyt kuin torjunta-aineita käyttämällä: korkeampi satotaso, isompi jyvä koko sekä parempi ravinteiden talteenotto. Kasvien geeneihin perustuva taudinkestävyys on ympäristöystävällinen tapa hallita kasvitauteja, eikä kestävä lajikkeen viljely aiheuta lisäkustannuksia viljelijälle. Taudinkestävät lajikkeet mahdollistavat kestävien viljelymenetelmien käytön (suorakylvö, kevytmuokkaus), jotka usein aiheuttavat suurentuneen tautipaineen. Taudinkestävien lajikkeiden käyttö vähentää kasvitautilien torjunta-aineiden eli fungisidien tarvetta. Fungisidien korvaaminen vaihtoehtoisilla torjuntamenetelmillä on välttämätöntä, jotta Suomi pystyy toteuttamaan EU:n voimaan tulleen puitedirektiivin (2009/128/EY) vaatimukset kestävästä pestisidien käytöstä. Puitedirektiivin voimaan tulon jälkeen Tukesin myyntitilastojen mukaan fungisidien myynti on hieman vähentynyt (Tukes 2020).

Taudinkestävyys kehittäminen on jatkuva prosessi. Ilmastonmuutos parantaa eteläisempien taudinaiheuttajien talvehtimis- ja lisääntymismahdollisuuksia ja kotimaisillakin taudeilla itiösukupolvien lukumäärä voi lisääntyä (Peltonen-Sainio ym. 2008). Tämän vuoksi uusia kestävyyslähteitä on jatkuvasti haettava laajasti kasvien geenivaroista, kuten maatiais- ja villilajeista. Kaupalliselle kasvinjalostukselle geenipankkien taudinkestävyttä sisältävä materiaali on usein vaikeasti hyödynnettävää primitiivisyytensä vuoksi. Näin on myös silloin, kun kestävyys perustuu usean geenin yhteisvaikutukseen. Jotta geenivaroissa oleva arvokas muuntelu ja kestävyys eri stressitekijöitä vastaan saadaan hyödynnettyä, tarvitaan geenivarojen ja kaupallisen jalostuksen

väliin yhdistävä tekijä, tutkimus, joka tuottaa tietoa kasvigeenivaroista kasvinjalostuksen hyödynnettäväksi.

Eurooppalaisissa kevätevehnälajikkeissa lehtilaikkutautien kestävyys on jäänyt vähemmälle huomille erityisesti Suomessa merkittävien ruskolaikun ja pistelaikun osalta. Tässä tutkimuksessa etsittiin uusia taudinkestävyyslähdeitä laajasta maataiskevätevehnäaineistosta. Tutkimus kuului yhtenä osana Luonnonvarakeskuksen (Luke) Hyötygeeni-hankkeeseen (Geenivarat hyötykäyttöön – työkalupakki kasvinjalostuksen tarpeisiin), jossa tutkittiin esijalostuksen ketjua osana kasvinjalostusprosessia. Esijalostus mahdollistaa geenivarojen tehokkaan hyödyntämisen lopputuotteessa eli lajikkeessa. Tutkimuksen tuloksia, uusia taudinkestävyyslähdeitä, voidaan hyödyntää taudinkestävyysjalostusohjelmissa. Lisäksi tutkimustietoa voidaan hyödyntää maailmanlaajuisesti, koska evaluointidata toimitetaan geenipankkiin ja on siten kaikkien vapaasti saatavissa.

2 VEHNÄN VIJELY

Vehnä on yksi maailman tärkeimmistä viljelykasveista. Vehnän käyttö erityisesti leipäviljana on merkittävä. FAO:n tilastojen mukaan vuosien 1994-2018 välisenä aikana suurimmat vehnäntuottajamaat olivat Kiina, Intia, Yhdysvallat ja Venäjä (FAO 2019).

Vehnän viljelyalat ja keskisadot vaihtelevat vuosittain, kuten muillakin viljakasveilla, riippuen markkinatilanteesta ja sääoloista. Suomessa käytössä olevaa viljelysmaata on noin 2,3 miljoonaa hehtaaria, josta viljakasvien osuus on noin puolet, n. 1,1 miljoonaa hehtaaria. Suomessa kevätevehnän viljelyala on ollut tasaisessa nousussa vuodesta 1995 vuoteen 2014 asti, minkä jälkeen kevätevehnän viljelyalat ovat olleet Luken tilaston mukaan hieman laskusuunnassa. Syysvehnän viljelyala taas on ollut nousussa. Vuonna 2009 Suomessa viljeltiin kevätevehnää 202 000 hehtaarin alalla ja vuonna 2019 kevätevehnää viljeltiin 167 000 ha alalla. Syysvehnää viljeltiin vuonna 2009 16 000 hehtaarin alalla ja vuonna 2019 40 000 ha alalla (SVT; Luke 2019).

Nykyiset vehnälajikkeet ovat läpikäyneet kolme evolutiivista valinnan päävaihetta: 1) tahaton valintatyö, jota ihmiset harjoittivat keräämällä hyvät yksilöt ja istuttamalla ne saadakseen syötävää;

2) varhaiset viljelijät harjoittivat tarkoituksenmukaisempaa tietoista valintaa; ja viimeisimpänä 3) moderni valinta- ja kasvinjalostustyö, joka nojaa tieteeseen (Simmonds 1976).

Nykyään viljeltävän leipävehnän, *Triticum aestivum* L., genomi on heksaploidinen ($2n=42$) eli käsittää kuusi seitsemän kromosomin muodostamaa perusgenomia (AABBDD). Vehnän kehityshistoria on hyvä esimerkki allopolyploidiaasta, eli lajien väliseen risteytymiseen liittyvästä kromosomiston kertautumisesta. Vehnien alkeellisin perusmuoto on yksijyvävehnä eli einkornvehnä (*Triticum monococcum*). Se on kromosomiluvultaan diploidinen ja perimärakenteeltaan AA. Emmervehnän (*Triticum turgidum*) perimärakenne on AABB ja edustaa tetraploidista ($2n=28$) tasoa, jonka kanssa samaan lajiin luetaan durumvehnä (*Triticum durum*). Durumvehnää viljellään edelleen Välimeren maissa pastojen raaka-aineeksi, kun taas muut tetraploidiset muodot ovat lähes hävinneet käytöstä. Yksijyvävehnän ja emmervehnän viljelyn on arvioitu alkaneen samoihin aikoihin noin 10 000 vuotta sitten Lähi-idässä niin kutsutun hedelmällisen puolikuun alueella. Alkeellisimpana heksaploidisena vehnänä tunnetaan spelttivehnä (*Triticum aestivum* ssp. *spelta*), joka sekin lähes hävisi viljelystä (Rousi 1997, Salamini ym. 2002). Nykyään kiinnostus luonnonmukaiseen viljelyyn ja luomutuotteisiin on elvyttänyt spelttivehnän viljelyä Euroopassa ja voidaan puhua spelttivehnän viljelyn uudesta tulemisesta (Bonafaccia ym. 2000, Ruibal-Mendieta ym. 2005).

Kevätvehnä viihtyy multavilla mailla ja kärsii herkästi kuivuudesta. Vehnän viljelyn onnistumisessa lajikevalinnalla on suuri vaikutus. Ensisijaisesti lajiketta valikoidessa on huomioitava soveltuvuus eri viljelyvyöhykkeille ja sadon käyttötarkoitus. Vehnää viljellään joko mylly- tai rehuvehnäksi; leipäviljaksi tai rehun raaka-aineeksi. Leipäviljojen laadussa tulee huomioida hehtolitraino ja leipoutuvuuteen vaikuttavat tekijät, kuten sakoluku, valkuaispitoisuus, sitko ja zelenyluku. Sakoluku ja valkuaispitoisuus ovat tärkeitä vehnän lajikeominaisuuksia. Samoin viljelyominaisuuksissa, kuten lakoutuvuudessa, satoisuudessa ja tautialttiudessa, on lajikkeellisia eroja (Seppänen 2008).

3 VEHNÄN LEHTILAIKKUTAUDIT

Suomessa tärkeimmät lehtilaikkutaudit ja niiden -aiheuttajat vehnällä ovat pistelaikku (*Pyrenophora tritici-repentis* (Died.) Drechsler), ruskolaikku (*Stagonospora nodorum* = *Parastagonospora nodorum*

(Berk.) Quaedvl., Verkley & Crous) ja harmaalaikku (*Mycosphaerella graminicola* = *Zymoseptoria tritici* (Roberge ex Desm.) Quaedvl. & Crous) (Kuva 1). Yleisimpinä kevätvehnän taudinaiheuttajina voidaan Suomessa pitää rusko- ja pistelaikkua. Harmaalaikkua on näihin päiviin asti pidetty Suomessa enemmän syysvehnän taudinaiheuttajana, mutta *M. graminicola* on löydetty myös kevätvehnältä. Lämpiminä kesinä myös ruosteiden sekä härmän merkitys vehnällä on Suomessa voimistunut (Jalli ym. 2011).



Kuva 1. Eri vehnän lehtilaikkutautien oirekuvat vasemmalta oikealle: ruskolaikku, pistelaikku ja harmaalaikku (Kuva: Marja Jalli; kuvan käyttämiseen on saatu kuvaajan lupa).

3.1 Pistelaikku

3.1.1 Taudinaiheuttaja ja morfologia

Pistelaikkua vehnällä aiheuttaa taudinaiheuttajasieni, *Pyrenophora tritici-repentis* (Died.) Drechsler ja sen suvuton (anamorfi) muoto *Drechslera tritici-repentis* (Died.) Shoemaker. Pistelaikkua voi esiintyä rukiilla, ohralla ja eräillä heinälajeilla, mutta pääsääntöisesti se vioittaa vehnää (Krupinsky 1992a, Krupinsky 1992b). Suomessa vehnän pistelaikun merkitys on lisääntynyt. MTT:n (nykyisin Luke) vuonna 2009 tekemän taudinaiheuttajakartoituksen mukaan pistelaikkua esiintyi yli 90 % tutkituista pelloista (Jalli ym. 2011).

Pystyt, yksinkertaiset (ei haaraiset) ja oliivin mustat kuromankannattimet (konidioforit) ovat kooltaan 7-8 x 100-300 mikrometriä ja niillä on turvonnut kanta. Kuromaitiöt (konidiot) ovat sylinterimäisiä, läpikuultavia, yleensä neljästä seitsemään väliseinäisiä ja kooltaan 12-21 x 45-200 mikrometriä. Valekotelopullost (pseudoteekiot) ovat mustia 200-300 mikrometriä halkaisijaltaan. Koteloitiöt (askosporit) ovat väriltään ruskeita, muodoltaan ovaalista pyöreään ja kooltaan 18-28 x 45-70 mikrometriä. Ne ovat poikittain kolmeosaisia ja monitumaisia. Normaalisti jokainen itiökotelo sisältää kahdeksan koteloitiötä (Bockus ym. 2010).

3.1.2 Infektio ja elinkierto

P. tritici-repentis talvehtii valekotelopulloina (pseudoteekiona) kasvin olki- ja sänkijätteessä, jota pidetään taudin pääasiallisena alkulähteenä. Koteloitiöitä vapautuu valekotelopulloista koko kasvukauden ajan aiheuttaen taudin alkuinfektiota isäntäkasvin lehtiin. Sekä koteloitiöt että kuroumaitiöt ovat tuulilevintäisiä ja leviävät tehokkaasti myös sadeveden roiskeissa. Infektio edellyttää 6-48 tunnin kosteaa ja/tai märkää aikaa riippuen lämpötilasta (Bockus ym. 2010).

Lehden ikä ja kasvuston kasvuaste vaikuttavat pistelaikun ankaruuteen ja resistenssin ilmenemiseen isäntäkasvissa. Taudin leviämisen intensiivisin vaihe on yleensä kasvin lehtien vanhetessa ja myöhemmillä kasvuasteilla (Hosford 1990). Muita lähteitä tauti-infektioon ovat saastunut kylvösiemen (Schilder 1995) tai eri heinälajit, joissa sieni yleensä esiintyy kuromaitiönä (Krupinsky 1992a, Krupinsky 1992b).

3.1.3 Oireet

Pistelaikun ensimmäinen oire on nähtävissä noin 1-2 millimetrin mittaisena ruskeana tai hyvin tummana, pienenä, selvärajaisena ”silmlaikkuna”, jonka ympärillä oleva lehtisolukko on keltainen. Taudin edetessä, keltainen laikku laajenee, ruskettuu ja kuihduttaa näin koko lehden. Kasvukauden ja laikkutaudin edetessä tumma silmlaikku saattaa hävitä laikun keskeltä, jolloin oireet muistuttavat paljon ruskolaikun oireita (Bockus ym. 2010, Ahvenniemi 2012).

Taudin oireen, eli kuoliolaikun, aiheuttavat sienen tuottamat toksiiinit. Oireiden ulkonäkö vaihtelee juuri taudinaiheuttajan toksiinintuotannon mukaan ja kuinka isäntäkasvi siihen reagoi. Toistaiseksi on tunnistettu kahdeksan erilaista pistelaikun rotua. Eri taudinaiheuttajan rodut liittyvät tiettyyn isäntäspesifiin toksiniin, jotka ilmentyvät eri vehnälajikkeilla erilaisina oireina. *P. tritici-repentis* tuottaa toksineja, jotka ovat vahvasti kytköksissä tiettyyn isäntään, eli ne ovat isäntä-selektiivisiä (host-selective toxin, HST). Eri toksiiinit kuvaavat *P. tritici-repentis* -sienen eri rotujen virulenssia eli taudinaiheuttamiskykyä. Toksiini Ptr ToxA aiheuttaa nekroottisen oireen kasviin. Kaksi muuta toksiniä, Ptr ToxB ja Ptr ToxC, aiheuttavat kasviin kloroosia, mutta eri vehnälinjoihin ja lajikkeisiin kuin Ptr ToxA (Lamari 2003, Friesen 2005).

3.2 Ruskolaikku

3.2.1 Taudinaiheuttaja ja morfologia

Ruskolaikun taudinaiheuttajasieni vehnällä on *Phaeosphaeria nodorum* (E. Müll) Hedjaroude (syn. *Leptosphaeria nodorum* E. Müll.) ja sienen suvuton muoto *Stagonospora nodorum* (Berk.) E. Castell. & E. G. Germano (syn. *Septoria nodorum* (Berk.) Berk.). Ruskolaikun taudinaiheuttajasienen nykyinen virallinen nimi on *Parastagonospora nodorum* (Berk.) Quaedvl., Verkley & Crous.

Sekä *Parastagonospora nodorum* että *P. tritici-repentis* ovat merkittäviä nekrotrofisia taudinaiheuttajasieniä. Ne kuuluvat molemmat *Dothideomycetes*-luokkaan, mihin kuuluu useita muitakin merkittäviä kasvipatogeeneja (Schoch ym. 2009, Friesen ym. 2008). *S. nodorum* (= *P. nodorum*) -sienen genomi saatiin sekvensoitua ja julkaistiin vuonna 2007 (Hane 2007).

P. nodorum -sienen kuromaitiöt (pyknidiosporit) ovat läpikuultavia 2-4 x 14-32 mikrometriä, yhdestä kolmeen väliseinäisiä ja pyöreäpäisiä. *P. nodorum* on heterotallinen, eli sienen suvullinen lisääntyminen vaatii kahden geneettisesti erilaisen samatumaisten haploidien rihmastojen yhtymistä, mikä muodostaa fertiilin pseudoteekion (valekotelopullon). Itiökotelo on kaksiseinäimäinen, sylinterin muotoinen ja sisältää kahdeksan koteloitiötä. Koteloitiöt vaihtelevat väriltään läpikuultavasta keltaiseen ja ovat kooltaan 4-6 x 19-32 mikrometriä (Eyal 1987, Bockus ym. 2010).

3.2.2 Infektio ja elinkierto

P. nodorum -sienen elinkierto sisältää sekä suvullisen että suvuttoman vaiheen. Sieni talvehtii pellolle jätetyssä kasvin olkijätteessä. Kosteissa ja optimaalisissa lämpö-olosuhteissa muodostuvat kuromapullot (pyknidiot), jotka aloittavat sienien suvuttoman kehityssyklin. Kuromapulloista erittyvät suvuttomat kuromaitiöt ovat vaaleanpunaisen tahmean eritteen ympäröimänä (Bockus ym. 2010).

Tahmea vaaleanpunainen itiömassa pystyy leviämään uusiin kasveihin vain sadevisaran roiskeiden avulla tai kasvien hankautuessa toisiaan vasten, tällöin epidemiat saattavat olla hyvinkin paikallisia (Ahvenniemi 2012). Kuromaitiö itää, kun lehden pinta on kostea tai märkä ja lämpötila on 5-37°C välillä. Optimaalinen lämpötila itiöiden itämiselle ja infektiolle on 15-25°C (Bockus ym. 2010).

P. nodorum on polysyklinen patogeeni ja tarvitsee useita suvuttomia elinkierroja aiheuttaakseen suuret sadonmenetykset. Suvullisia koteloitiöitä muodostuu kosteissa oloissa. Ne leviävät sadevisaran roiskeiden avulla ylemmille lehdille ja aiheuttavat infektiota koko kasvukauden ajan. Koteloitiöt ovat myös tuulilevintäisiä ja voivat näin levitä laajalle alalle peltolohkolla ja jopa toisille pelloille (Bathgate 2001).

3.2.3 Oireet

Ruskolaikun ensioireet ovat pieniä vaaleita laikkuja lehdillä. Taudin oireet eli kuoliolaikut aiheutuvat sienien tuottamista toksiineista, kuten pistelaikullakin. Laikut laajenevat ja ruskettuvat kostean ja viileän kasvukauden myötä. Ankarassa tartunnassa koko lehti ruskettuu ja kuihtuu. Lehden kuihtumisen takia yhteyttämistuotteiden kulku jyviin lakkaa ja ne jäävät pieniksi. Tauti aiheuttaa ruskehtavia laikkuja myös tähkään, kehittyvän jyvän kaleisiin (Ahvenniemi 2012). Ruskolaikkua voi esiintyä myös ohralla, mutta merkittävin isäntäkasvi on sekä syys- että kevätmuotoiset vehnät.

Ruskolaikun isäntäselektiivisiä toksiineita on raportoitu viisi: SnToxA, SnTox1, SnTox2, SnTox3, SnTox4. Toksiinit ovat vuorovaikutuksessa isäntäreseptorigeenien tuotteiden Tsn1, Snn1, Snn2, Snn3, Snn4 kanssa (Liu ym. 2006, Stukenbrock 2009, Friesen & Faris 2010).

4 VEHNÄN LEHTILAIKKUTAUTIEN HALLINTA

4.1 Ennaltaehkäisevät viljelytoimet

Lehtilaikkutautien taudinaiheuttajien säilyminen ja leviäminen kasvinjätteestä vehnään korostaa maanmuokkauksen ja viljelykierron merkitystä lehtilaikkutautien hallinnassa. Alttiiden kasvilajikkeiden, yksipuolisen vehnänviljelyn ja suorakylvön on todettu lisänneen pistelaikun merkitystä vehnän kasvintuhoojana (Jorgensen ja Olsen 2007).

Integroitu kasvinsuojelu, Integrated Pest Management (IPM), on käsitteenä tunnettu jo yli 50 vuotta. Lainsäädäntöön IPM on tullut 2000-luvulla. Direktiivi torjunta-aineiden kestävän käytön aikaansaamiseksi (2009/128/EY) astui voimaan 25.11.2009. Tärkeänä osana IPM-viljelyä on viljelykierto, joka on ympäristöystävällinen ja taloudellinen keino lehtilaikkutautien hallinnassa (Mäkinen ym. 2013).

Viljelykasvilajeja vuorottelemalla voidaan vaikuttaa isäntävalikoivien lehtilaikkutautien aiheuttajien esiintymiseen. Viljelykierron vaikutusta kevätvehnän kasvintuhoojiin tutkittiin kenttäkokeessa Jokioisilla vuosina 2005-2011. Viljelykiertokoe selkeytti eron esikasvin ja viljelykierron välillä pistelaikun hallinnassa (Jalli 2012). Pelkkä viljakasvien käyttö viljelykierrossa ei riitä lehtilaikkutautien hallinnassa. Vehnän patogeenejä voi löytyä ohrasta, vaikka ne eivät ohraa vahingoittaisikaan. Ohraa ei voi pitää parhaimpana esikasvina vehnälle, jos halutaan vähentää mahdollisen tartukkeen määrää pellolla. Kaikkien viljojen lehtilaikkutautien ehkäisemiseksi parhaat esikasvit viljatilalla ovat öljy- ja palkokasvit (Duczek 1999, Krupinsky 2004). Öljykasveista kumina on juuri esikasviarvonsa vuoksi maininnan arvoinen. Kumina on erittäin mielenkiintoinen öljy- sekä viljelykasvi, joka soveltuu hyvin viljelyyn Suomessa.

Lukella Jokioisilla vuosina 2001-2007 toteutettujen viljelykiertokokeen tulosten pohjalta suorakylvö lisää kevätehnän lehtilaikkutautiriskiä erityisesti kasvukauden alkuvaiheessa, jos esikasvina on vehnä. Alkutartunnan jälkeen kasvukauden sääolot ja kasvuston kunto vaikuttavat merkittävästi lehtilaikkutautien etenemiseen. Taudinaiheuttajien kasvinjätteessä säilymisen vuoksi vehnää tulisi viljellä samalla loholla vain joka kolmas vuosi (Jalli 2008).

Tärkeänä osana kasvitautien ennaltaehkäisevää hallintaa ja lajikekehitystä on myös terve virallisesti tarkastettu ja hyväksytty kylvösiemen. Terve sertifioitu kylvösiemen on olennainen kasvitautien torjuntakeino (Ruokavirasto 2019).

4.2 Kemiallinen kasvinsuojelu

Fungisidit, eli kemialliset kasvitautien torjunta-aineet, tarjoavat tehokkaan taudinhallinnan oikeaan aikaan käytettynä. Vielä 10 vuotta sitten fungisidit jaettiin 11 luokkaan niiden biokemiallisen vaikutustavan mukaan. Nykyisessä FRAC (Fungicide Resistance Action Committee) -luokituksessa erilaisia MoA- (Mode of Action) ja FRAC-ryhmiä on tullut lisää. Viljoilla käytetyt yleisimmät tehoaineryhmät ovat DMI-aineet (triatsolit), Qol-aineet (strobiluriinit), aniliinipyrimidit, morfoliinit, kloronitriilit sekä uusimpana ryhmänä SDHI-aineet (sukkinaattidehydrogenaasi-inhibiittorit) (FRAC 2020, Jalli ja Laine 2011). Kasvinsuojeluaineresistenssin kannalta vielä muutamia vuosia sitten oli ongelmana, että lähes kaikki viljojen tautiaineet kuuluivat DMI- tai Qol-ryhmiin. Vuonna 2017 Suomen markkinoille tulleet uudet SDHI-ryhmän valmisteet olivat resistenssin hallinnan kannalta tervetullut lisä.

Fungisidien taudinhallinnallinen teho perustuu tehoaineen vaikutustapaan sekä ruiskutuksen ajoitukseen. Fungisideissa on hyötynä usean taudin samanaikainen hallinta, mutta ne tuovat samalla lisää kustannuksia vehnäntuotantoon (Bockus ym. 2010).

Kasvinsuojeluainekestävyyden eli kasvinsuojeluaineresistenssin kehittyminen on evoluutioprosessi. Taudinaiheuttajaset, kuten muutkin luonnon eliöt, pyrkivät säilymään elinkykyisinä ja kehittävät selviytymiskeinoja niitä uhkaavia kemikaaleja vastaan. Taudinaiheuttajien muuntuminen kasvinsuojeluainetta kestäviksi johtuu pitkäaikaisen altistuksen aiheuttamasta sietokyvyn

muutoksesta tai sattumanvaraisesta mutaatiosta ja näiden lisääntymisestä populaatiossa. Kasvinsuojeluaineen vaikutusmekanismi sekä torjuttavan taudinaiheuttajan lisääntymistapa vaikuttavat resistenssin todennäköisyyteen ja kehittymisnopeuteen. Taudinaiheuttajien kasvinsuojeluainekestävyyden yleistymisen myötä kiinnostus taudinkestävien lajikkeiden kehitykseen on kasvanut (FRAC 2020, Jalli ja Laine 2011).

Seuraavan kasvukauden kasvinsuojelutarpeet pystytään ennakoimaan tarkkailukirjanpidon avulla jo edellisen kasvukauden aikana. Päätöksenteossa kasvinsuojelun osalta viljelijää auttavat olemassa olevat kynnyksarvot ja ennustemallit (Alanko ym. 2013). Suomessa kehitetty tautiennustemalli (WisuEnnuste) auttaa viljelijää arvioimaan ruiskutustarpeen ja ruiskutuksen oikean ajoituksen. Kasvitaliennuste laskee tautiriskin halutuille viljojen kasvitaudeille käyttäen pohjatietona maatalan sääaseman lämpötila- ja sadantatietoja, tautien epidemiologiaa sekä tilan viljelytietoja muokkauksesta, kylvöajasta, lajikkeesta ja viljelykierrosta (Huitu ym. 2012).

4.3 Kestävät lajikkeet

Lajikkeiden taudinkestävyys on tärkeä osa viljelyvarmuutta. Jos kestävyyttä on löydettävissä jalostuksessa hyödynnettävässä muodossa, niin resistenttien eli taudinkestävien lajikkeiden viljely on tehokkain, ympäristöystävällisin ja taloudellisin tapa torjua ja hallita kasvitauteja.

Taudinkestävyydellä tarkoitetaan kasvin kykyä puolustautua taudinaiheuttajaa vastaan. Taudinkestävyysjalostus, kuten muukin kasvinjalostus, perustuu kasvin geenivarojen hyödyntämiseen. Kestävyyden aikaansaaminen on aikaa vievää ja pitkäjänteisen työn takana. Aikaa tarvitaan jopa yli kymmenen vuotta, että taudinkestävyys saadaan siirrettyä uuteen viljelylajikkeeseen (Valkonen ym. 1996, Perttu 2013).

5 VEHNÄN TAUDINKESTÄVYYSJALOSTUS

5.1 Taudinkestävyys ja kasvin puolustusmekanismit

Kasveissa on kehittynyt monimutkaisia järjestelmiä tunnistaa kasviin hyökkäävä taudinaiheuttaja. Vastavuoroisesti taudinaiheuttajissa on kehittynyt efektoreita eli erilaisia proteiineja tai pieniä molekyylejä, joilla taudinaiheuttaja harhauttaa tai ns. sammuttaa kasvien puolustusjärjestelmät (Stukenbrock 2009).

ZigZag-malli on neljävaiheinen malli, joka havainnollistaa kasvin luontaisen immuuni- eli puolustusjärjestelmän kvantitatiivista tehoa ja evoluutiota: 1) Kasvin puolustusjärjestelmä havaitsee ja tunnistaa jonkin taudinaiheuttajan erittämän tai siitä irtoavan molekyylin eli PAMP (Pathogen-Associated Molecular Pattern) -molekyylin (Jones ja Dangl 2006, Navarro ym. 2004). 2) Jos kasvin solukalvon tunnistusreseptorit (PRR, Pattern Recognition Receptors) havaitsevat patogeenin tuottaman molekyylin ja käynnistävät puolustuksen, kasvissa syntyy PAMP-molekyylin laukaisema immunitetti (PTI, PAMP triggered immunity). Tämä syntynyt puolustusvaste on heikko ja eräänlainen kasvin puolustuksen ensimmäinen taso. 3) Taudinaiheuttajat yrittävät vastata kasvin puolustukseen erittämällä efektoreja, jotka estävät kasvin puolustusmenetelmien toimintaa, mikä johtaa ns. efektorikäynnisteseen alttiuteen (ETS, Effector-Triggered Susceptibility). 4) Jos kasvi tunnistaa taudinaiheuttajan tuottaman efektorin resistenssigeeniensä tuotteilla, tunnistus laukaisee kasvissa vasteen, jota kutsutaan nimellä effector-triggered immunity (ETI). ETI on PTI:tä voimakkaampi puolustusvaste, joka johtaa hypersensitiiviseen vasteeseen, joka estää taudinaiheuttajan kasvun (Jones ja Dangl 2006, Wit 2007). Hypersensitiivisen vasteen yhteydessä kasvisolukko kuolee, joten se toimii puolustusmenetelmänä biotrofeille taudinaiheuttajille, jotka tarvitsevat elävää kasvisolukkoa elääkseen kasvissa.

P. nodorum ja *P. tritici-repentis* ovat molemmat vehnän nekrotrofisia sienipatogeeneja, jotka elävät kuolleella kasvimateriaalilla ja hyötyvät kasvin solukuolemasta. Ne tuottavat lukuisia proteiinipitoisia isäntäselektiivisiä toksiineja (HST). Nämä isäntäselektiiviset toksiinit toimivat efektoreina, jotka saavat aikaan vakavan ja laajan nekroosin vehnän linjoissa, joissa on vastaavat hallitsevat herkkyysgeenit (Friesen ym. 2008). Yhteensopiva vuorovaikutus vaatii sekä patogeenin tuottaman efektorin (HST) että isäntäkasvin herkkyysgeenin ja johtaa taudin puhkeamiseen, toisin kuin biotrofia vastaan suunnatussa ETI-vasteessa, joka johtaa taudinkestävyyteen. Nekrotrofin taudinaiheuttajan kohdalla joko efektorin tai isännän herkkyysgeenin puuttuminen johtaa yhteensopimattomaan vuorovaikutukseen eli resistenssiin, ellei muita yhteensopivia isäntä-efektori-vuorovaikutuksia ole läsnä (Faris ym. 2010).

Pitkällä aikavälillä kasvilajin ja patogeenin välille syntyy koevoluutiota. Geeni-vastaan-geeni (gene-for-gene) malli, jossa kasvilla on taudinkestävyys- eli resistenssigeeni ja patogeenillä sitä vastaava efektori tai virulenssigeeni (Avr), on klassinen esimerkki lajienvälisestä koevoluutiosta. Tästä syystä kasvipopulaatio selviytyy suurestakin määrästä infektiota, kun patogeeni on kotoperäinen. Samasta syystä vierasperäisen patogeenin on vaikeampi aiheuttaa suuri epidemia kasvipopulaatiossa, mutta onnistuessaan sillä voi olla tuhoisat seuraukset kasville (Brown 2011, Laine 2011, Tack 2014).

5.2 Taudinkestävyysjalostus ja haasteet

Viljellyllä vehnällä on kapea geneettinen pohja, joka vähentää mahdollisuuksia kehittää kestävyttä kasvitauteja vastaan. Vehnän sukulaislajit sisältävät kuitenkin arvokkaita geenejä vehnän taudinkestävyysjalostuksen parantamiseen (Friebe ym. 1996, Oliver ym. 2008). Jalostusprosessissa lähdetäänkin liikkeelle kestävyyslähteiden etsinnästä ja kartoituksesta. Eri kasvitautilien kestävyysgeenejä voidaan etsiä maatais- tai villilajikkeista sekä jo olemassa olevista lajikkeista että jalostuslinjoista (Tomerlin 1984, Brown-Guedira 1996, Xu 2004, Singh 2006).

Kevätvehnän kasvinjalostusprosessi voidaan karkeasti jakaa seuraaviin osioihin: uuden geneettisen muuntelun etsiminen ja luominen perinteisesti risteyttämällä, risteytysjälkeläistöjen tuottaminen, yksittäisten linjojen sisäisen muuntelun rajoittaminen puhtaiksi linjoiksi, linjojen valinta ja lopulta uuden lajikekandidaatin löytäminen (Forster ym. 2014). Jos löydetty kestävyyslähteet ovat jo olemassa olevia lajikkeita tai jalostuslinjoja, taudinkestävyysjalostus ei poikkea kuvatus perinteisestä jalostusprosessista. Jos kestävyyslähteet ovat eksoottisempia maataislajikkeita, sukulais- tai villilajeja, tarvitaan takaisinristeytyksiä, jotta uudet taudinkestävät lajikekandidaatit olisivat muilta ominaisuuksiltaan viljeltävien lajikkeiden kaltaisia.

Taudinkestävyysjalostuksen haasteena on laaja-alaisen resistenssin eli taudinkestävyyden kehittäminen, jolloin yhdessä kevätvehnägenotyypissä on useampien merkittävien taudinaiheuttajien kestävyyslähteet (Ali 2008). Esimerkiksi ruskolaikkukestävyys on todettu olevan polygeenistä, mikä johtaa monimutkaisempiin jalostusohjelmiin (Feng 2004).

Taudinkestävyysgeenien työstäminen ja seuraaminen jalostusohjelmissa on merkittävästi helpottunut DNA-merkkien kehittämisen ja käytön myötä (Miedaner 2012).

Taudinkestävyysgeenit saattavat myös olla genomissa sijoittuneina lähelle toisiaan, jolloin ne risteytyksissä helposti periytyvät edelleen. Esimerkkinä on ruskearuosteen taudinkestävyysgeenin (Lr 34) sitoutuminen keltaruosteen taudinkestävyysgeenin (Yr 18) kanssa (Lagudah 2006, Muthe 2016).

Yksittäiset taudinkestävyysgeenit voivat saada aikaan täydellisen taudinkestävyuden, mutta yksin käytettynä ne altistuvat herkemmin taudinkestävyuden murtumiselle. Yhdistämällä eli pyramidisoimalla useita kestävyysgeenejä samaan taustaan pienennetään resistenssin murtumisriskiä ja lisätään kestävyuden säilymistä (Bourguet 2016). Vehnällä on esimerkkejä nopeasta taudinkestävyuden murtumisesta (esim. keltaruoste ja mustaruosteen Ug99-rotu) (Singh 2011). Toisaalta ohralla yhden geenin tuoma härmänkestävyys (mlo) on säilyttänyt kestävyytensä jo pitkään (Jørgensen 1992, Büschges 1997). Erilaiset taudinkestävyyslähteet sekä taudinkestävyysgeenit vähentävät riskiä taudinkestävyuden murtumiselle.

6 TUTKIMUKSEN TAVOITTEET

Tutkimuksen tavoitteena oli selvittää, onko kevätvehnämaatiaisissa kasvinjalostuksessa hyödynnettävää taudinkestävyyttä Suomessa yleisimpiä lehtilaikkutauteja vastaan.

Tutkimuksen tutkimushypoteesit olivat:

Tutkimushypoteesi 1: Mittarilajikkeet ilmentävät lehtilaikun kestävästä lajikkeesta ja altista lajikkeesta.

Tutkimushypoteesi 2: Vehnän geenipankkiaineistossa esiintyy mittarilajikkeita taudinkestävämpiä maatiaiskevätevehniä

Tutkimuskysymykset:

Onnistutaanko pistelaikun ja ruskolaikun tartutuksessa?

Ilmentävätkö lajikkeet tunnistettavia taudin oireita?

Miten piste- ja ruskolaikku lähtevät etenemään kasveissa?

Toimivatko mittarilajikkeet odotetulla tavalla?

Löydetäänkö vehnän geenipankkiaineistosta lehtilaikun kestäviä maataisvehnälajikkeita?

7 AINEISTOT JA MENETELMÄT

7.1 Tutkimusympäristö

Vehnän ja muiden viljojen taudinkestävyyttä tutkittiin osana Hyötygeeni-hanketta Luken (entinen MTT) ja Boreal Kasvinjalostus Oy:n yhteistyönä. Vehnän taudinkestävyytestaukset toteutettiin kasvihuone- ja kenttätestauksin Maa- ja elintarviketalouden tutkimuskeskuksessa (MTT) Jokioisilla Kasvinsuojelun tutkimuksessa kesällä 2009 (nykyisin Luonnonvarakeskus, Jokioinen). Tutkimusaineistoni koostui hankkeen kenttäkoeosuudesta.

7.2 Kevätvehnäaineisto

Lähdemateriaalina olivat neljä geenipankkiaineistoa, jotka tilattiin NordGen-geenipankista: Collection of wild Triticeae species and local varieties, The Haslund-Christensen Expedition to Central Asia, Collection of near-isogenic lines (McKey's), Nordic wheat landraces. Lisäksi mukana oli Pohjoismaiseen geenipankkiin taltioidut kaikki pohjoismaiset kevätvehnämaatiais sekä valikoima maataisia vehnän syntysijoilta Euraasiasta. Yhteensä testauksessa oli 183 maataisvehnägenotyyppiä (LIITE 1).

Tutkimuksessa käytettiin mittarilajikkeina kolmea yleisessä viljelyssä olevaa kevätvehnälajiketta, joiden lehtilaikkutautien taudinkestävyys tai -alttius lajikeominaisuutena tunnettiin luonnolliseen lehtilaikkutartuntaan perustuvassa ympäristössä. Mittarilajikkeina kokeissa olivat Anniina, Demonstrant ja Trappe. Mittarilajikkeista vehnän lehtilaikkutauksille altteimmaksi oletettiin tartutuskokeissa Anniina ja kestävimmäksi Trappe. Demonstrant oletettiin sijoittuvan taudinkestävyydeltään Anniinan ja Trappen väliin. Oletukset perustuivat Viljalajikkeiden herkkyy-

tautitartunnoille virallisissa lajikekokeissa 2001-2008 -julkaisuun ja tutkimukseen (Kangas ym. 2008).

7.3 Kenttäkokeen perustaminen – Hill Plot -kylvö

Tutkittava kevätvehnäaineisto kylvettiin peltoon pienruutuihin (Hill plot). Hill plot -kenttä eli niin kutsuttu tautikenttä perustettiin Jokioisille MTT:n pellolle lähelle MTT Kasvinsuojelun tiloja. Tautikenttä oli kynnetty syksyllä ja kevytluokattu tasojyrsimellä keväällä. Muokkauksella ja lannoituksella (lannoitus ennen kylvöä 100 kg N/ha, 10 kg P/ha, 10 kg K/ha) pyrittiin saavuttamaan normaalit viljojen kasvuolot. Rikkakasvit torjuttiin kemiallisesti viljan pensomisvaiheessa Ariane S -valmisteella (tehoaineet: MCPA, klopuralidi, fluroksipyyri) käyttömääränä 2 l/ha. Lisäksi rikkakasveja kitkettiin myöhemmin kasvukaudella käsin.

Kenttäkokeen perustaminen aloitettiin mittaamalla kenttä ja asettamalla siniset merkkitikut kylvettävien hill plottien paikalle. Hill plottien etäisyys toisistaan oli 30 senttimetriä. Käytävää ja kastelujärjestelmää varten keskelle koekenttää jätettiin 1 metrin levyinen käytävä. Tautikentälle pystytettiin sumukastelujärjestelmä, jonka tarkoitus oli pitää kasvusto tarvittaessa kosteana, mutta ei märkänä.

Ennen kylvöä jokaista lajiketta, sekä maataiskevätkuonkia että mittarilajikkeita, laskettiin 20 siementä pieneen siemenpussiin, jotka ladottiin kylvöjärjestykseen. Kylvötyö tapahtui puun taimien istutukseen tarkoitetulla pottiputkella. Siemenet kylvettiin noin 5 cm:n syvyyteen. Istutettaessa pottiputki iskettiin maahan ja 20 siementä kaadettiin putkeen. Pottiputken alaosaan olevaa vipua jalalla polkaistessa putken alaosaan kaksi metallista leukaa aukenivat ja siemenet tipahtivat leukojen aukenemisen muodostamaan kuoppaan. Siemenet peitettiin varovasti kengän kärjellä astuen. Kunkin potin merkkilappua säilytettiin kylvöön saakka siemenpussissa. Kylvön yhteydessä merkkilappu siirrettiin siniseen merkkitikkuun, jotka oli aikaisemmin käyty mittaamassa paikalleen. Tavoitteena oli saada pensasmaisen kasvusto ja luoda näin hyvät mahdollisuudet kasvitautien leviämislle.

Tautikentälle perustettiin kaksi kevätvehnäkoetta (21020020-09-10 ja 21020020-09-11), joihin molempiin kylvettiin samat tlajikkeet. Kussakin kerranteessa oli 183 koejäsentä sekä mittarilajikkeet (Anniina, Demonstrant, Trappe). Mittarilajikkeita oli mukana jokaisessa kerranteessa 4 kertaa kuvaamaan paremmin kentän tasaisuutta. Testattavat lajikkeet kylvettiin maahan kolmena kerranteena / koe. Koejärjestelynä oli lohkoittain täysin satunnaistettu koe. Molemmissa kokeissa oli yhteensä 585 koeruutua. Kylvö suoritettiin 19.5.2009.

7.4 Kevätvehnien tartutus

Testattavien lehtilaikkutautien tartutus suoritettiin tautikentällä 9.6.2009 kevätvehnien versomisvaiheessa: BBCH 21 (LIITE 2). Tartutus tehtiin lehtisilpulla, joka oli kasvihuoneessa ennakkoon testatuilla (ruskolaikun ja pistelaikun) tautikannoilla tartutettua (Kuva 2).



Kuva 2. Tartukkeen levitystä tautikentällä (Kuva: Marja Jalli; kuvan käyttämiseen saatu kuvaajan lupa).

Pellolle levitetty tartuke valmistettiin kasvihuoneessa infektoimalla altis vehnälajike taudinaiheuttajapopulaatiota edustavalla sienisuspensiolla, joka koostui eri puolilla Suomea kerätyistä taudinaiheuttajaisolaateista. Tartunnan annettiin levitä kasvihuoneessa ja 2-3 viikkoa tartutuksesta kasvusto leikattiin, silputtiin ja annettiin kuivua. Tartukkeeseen käytettiin Anniina-lajiketta ja usean suomalaisen taudinaiheuttajaisolaatin seosta (Taulukko 1).

Taulukko 1. Taudinaiheuttajaisolaattien (*P. tritici-repentis* ja *P. nodorum*) alkuperät.

<i>Parastagonospora nodorum</i> -isolaatit			
Isolaatti	Paikkakunta	Keruuvuosi	Lajike
S13	Ylistaro	2004	Anniina
S14	Mietoinen	2004	bor 00507
S35	Jokioinen	2005	Kruunu
S42	Inkoo	2005	Kruunu
S46	Pälkäne	2005	Amaretto
S47	Pernaja	2005	Olivin
<i>Pyrenophora tritici-repentis</i> -isolaatit			
Isolaatti	Paikkakunta	Keruuvuosi	Lajike
D5	Inkoo	2004	405- 959A
D21	Inkoo	2004	Zebra
D27	Mietoinen	2004	Piccolo
D34	Ylistaro	2004	bor 98507
D35	Mietoinen	2004	Triso
D89	Pernaja	2004	bor 96075
D98	Pernaja	2005	Urho

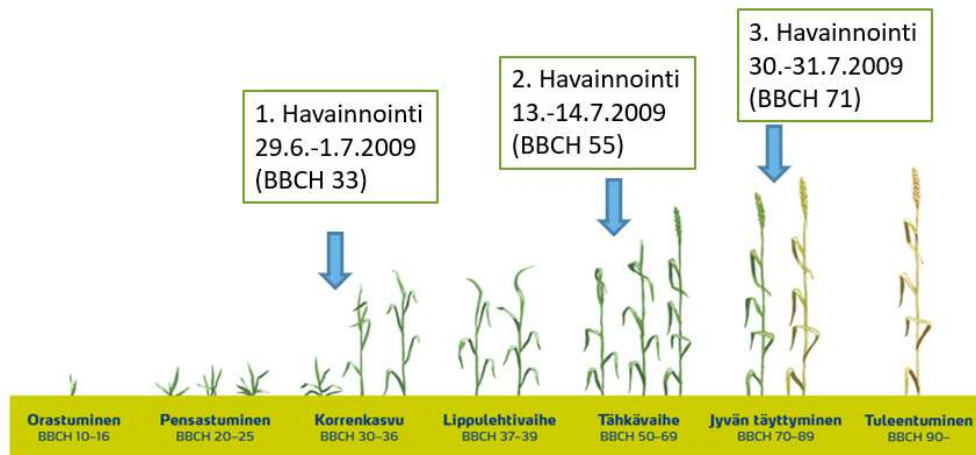
Tartukkeen tarve kokeessa oli 3 g/hill plot. Tartukkeen tarve molemmissa kokeissa yhteensä siis oli 3 x 585 = 1775 g. Lehtisilpputartuketta levitettiin koko testattavalle aineistolle. Tartutus suoritettiin

pilvisessä, sateisen kosteassa säässä. Sumukastelua ennen tartukkeen levittämistä ei tarvittu, sillä kasvustossa vallitsi jo sään puolesta 100 % kosteus.

Toinen kokeista (21020020-09-10) tartutettiin *P. nodorum* -tartukkeella ja toinen (21020020-09-11) *P. tritici-repentis* -tartukkeella.

7.5 Tautihavainnointi

Ruskolaikun ja pistelaikun eteneminen testattavilla kevätvehnillä havainnoitiin tautikentällä silmämääräisesti. Kasvustot havainnoitiin kolme kertaa kasvukauden aikana alkaen korrenkasvun alkuvaiheesta maitotuleentumiseen (Kuva 3.).



Kuva 3. Tautihavainnointikerrat ja -päivämäärät sekä havainnointipäivien kasvuasteet asetettuna viljojen kasvuastekuvaajalle. Kasvuastekuvaaja on tehty käyttäen pohjana ja yksikertaistaen Zadoksin ym. (1974) kasvuastetaulukkoa. Kasvuastekuvaaja on Yara Suomi Oy:n esitysmateriaalia.

Havainnoinnissa käytettiin NIAB-asteikkoa (Assesment key for cereal foliar disease), jossa lehtilaikkutaudin prosentuaalinen määrä lehden/kasvuston pinta-alaa kohti arvioitiin (0-100 % lehtialasta) (NIAB). Kevätvehnien 4 ylintä lehteä arvioitiin. Ruskolaikkutaudin ja pistelaikun arviointi

tehtiin ”viljojen kasvitautien havainnointi pellolla” -asteikon mukaan, missä oli kootusti kunkin kasvilajin päätaudinaiheuttajan havainnointiasteikko (LIITE 3).

7.6 Tilastolliset menetelmät

Taudin määrä lajikkeissa havainnoitiin kasvukauden aikana kolmesti. Havaintoaineistosta tarkasteltiin taudin etenemisnopeuden eroja, jotta aineistosta pystyttiin erottamaan selkeästi kestävämpiä linjoja ja lajikkeita. Taudin etenemisnopeuden erot määritettiin havaintoaineistosta laskemalla jokaiselle genotypille taudin etenemiskäyrän alle jäävä pinta-ala eli AUDPC (Area Under Disease Progress Curve) (Jeger 2001, Simko 2012). Aineistosta poistettiin tässä vaiheessa genotyypit, joista yksi tai useampi kerranne ei itänyt.

Aineiston tilastolliseen vertailuun käytettiin SAS Proc Genmod (Copyright (c) 2002-2012 by SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. NOTE: SAS (r) Proprietary Software 9.4 (TS1M0). Licensed to HELSINGIN YLIOPISTO/ATK OSASTO, Site 51100125.) -ohjelmiston yleistettyä lineaarista mallia (Generalized Linear Models).

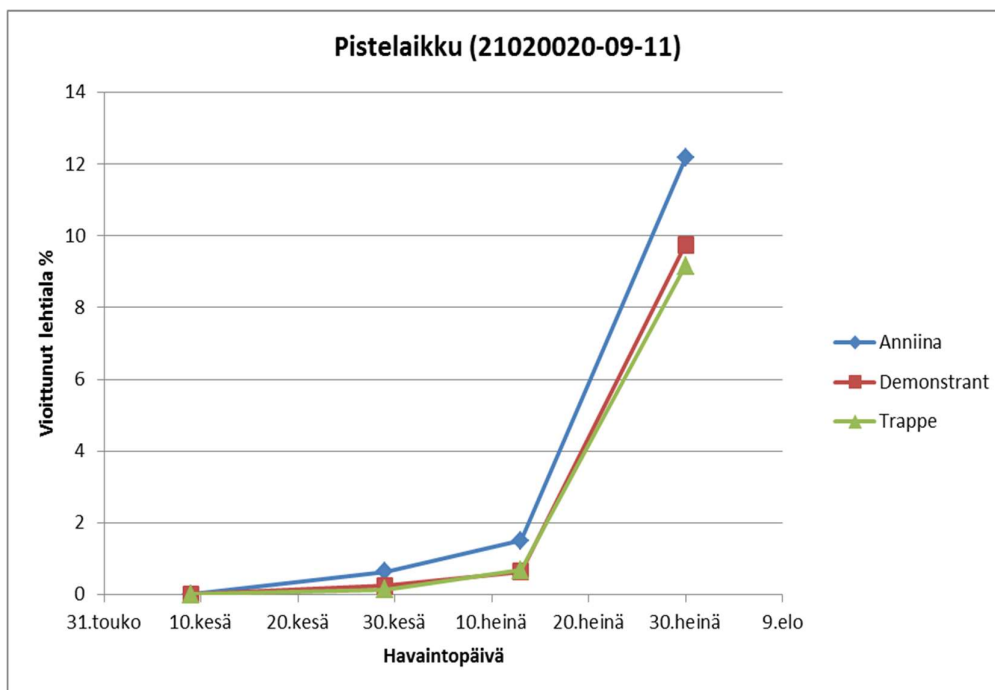
Tilastollisten merkitsevyyksien laskemiseen käytettiin suurimman uskottavuuden estimointi menetelmää (Maximum Likelihood Estimation), joka ei ole yhtä herkkä aineiston vinolle jakaumalle kuin tavallisen varianssianalyysin pienimmän neliön menetelmä (Least Square Method). Uskottavuuden estimaattorin positiivinen arvo kertoi lajikkeen olevan mahdollisesti tautisempi kuin verrattava mittarilajike. Negatiivinen arvo taas todisti uskottavuutta, että lajike mahdollisesti on terveempi kuin mittarilajike. Khiin neliön arvolla ($Pr > ChiSq$) osoitettiin, mitkä lajikkeet poikkeavat tilastollisesti merkittävästi verrattavasta mittarilajikkeesta. Tilastollisesti merkittävänä pidettiin tulosta, jossa p-arvo oli pienempi kuin 0,05 ($Pr > ChiSq < 0,05$), jolloin tulosta voitiin pitää 95 %:sti merkittävänä.

Aineiston tilastollisen vertailun ja AUDPC luvun perusteella piirrettiin taudinkehityskuvaajat, joista nähtiin ruskolaikun ja pistelaikun etenemisen lajikkeissa. Kunkin mittarilajikkeen tautihavainnoista laskettiin keskiarvo eli vioittunut lehtiala -prosentti.

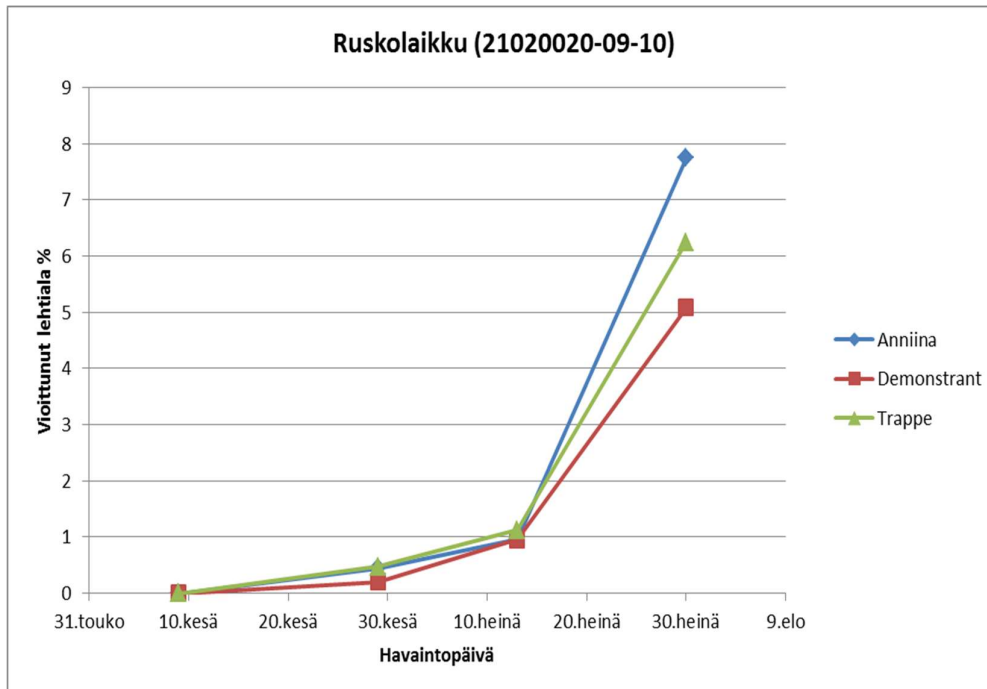
8 TULOKSET

8.1 Mittarilajikkeet

Pistelaikun kehityksen erot eivät olleet kovin suuret mittarilajikkeiden Trappe ja Demonstrant välillä (Kuva 4). Ruskolaikku kehittyi hitaimmin Demonstrant-lajikkeella (Kuva 5). Taudin kehitys oli runsainta Anniinalla molempien lehtilaikkutautien osalla.



Kuva 4. Pistelaikun kehittyminen mittarilajikkeissa kokeessa 21020020-09-11 perustuen kasvukauden aikana tehtyihin havaintoihin. Trappella pistelaikku eteni hieman hitaammin kuin Demonstrantilla.



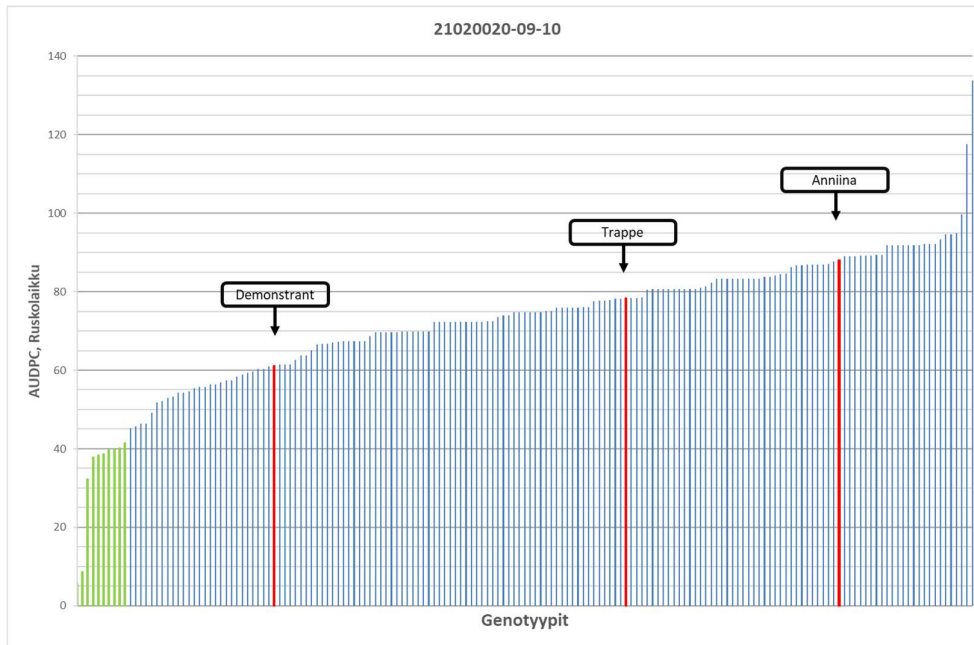
Kuva 5. Ruskolaikun kehittyminen mittarilajikkeissa kokeessa 21020020-09-10 perustuen kasvukauden aikana tehtyihin havaintoihin. Demonstrant-lajikkeella esiintyi viimeisellä tautihavaintokerralla vähiten infektoitunutta eli voittunutta lehtialaa.

Mittarilajikkeita tilastollisesti vertaillen ruskolaikkukokeessa saatiin tilastollisesti merkitsevät erot verrattaessa Demonstrant-lajikkeen AUDPC-arvoa Anniinaan ($p < 0.0001$) tai Trappeen ($p = 0.0007$). Pistelaikun kohdalla ero oli tilastollisesti merkitsevä vain verrattaessa Trappea Anniinaan ($p = 0.0004$).

8.2 Genotyyppien vertailu mittarilajikkeisiin

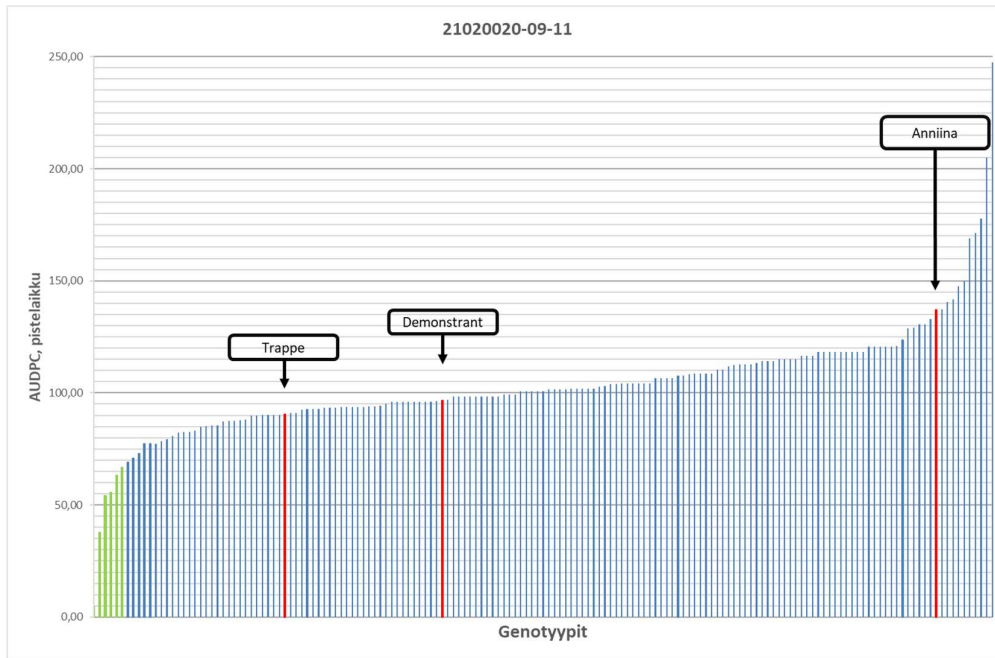
Tautikentällä kasvoi 183 maataisvehnän genotyyppiä kahdessa kokeessa, joista kaikki eivät itäneet. Ruskolaikkukokeessa 17 kappaletta genotyypeistä ei itänyt ollenkaan tai yksi/useampi kerranne ei itänyt. Pistelaikkukokeessa 25 kappaletta genotyypeistä ei itänyt ollenkaan tai yksi/useampi kerranne ei itänyt. Kaikki itämättömät genotyypit poistettiin analyysivaiheessa.

Tautikentällä kasvaneiden maataisvehnän genotyyppien ruskolaikkutaudin (Kuva 6) ja pistelaikkutaudin (Kuva 7) kestävydessä pystyttiin havaitsemaan eroja. Vertailu suoritettiin laskettujen AUDPC arvojen pohjalta.



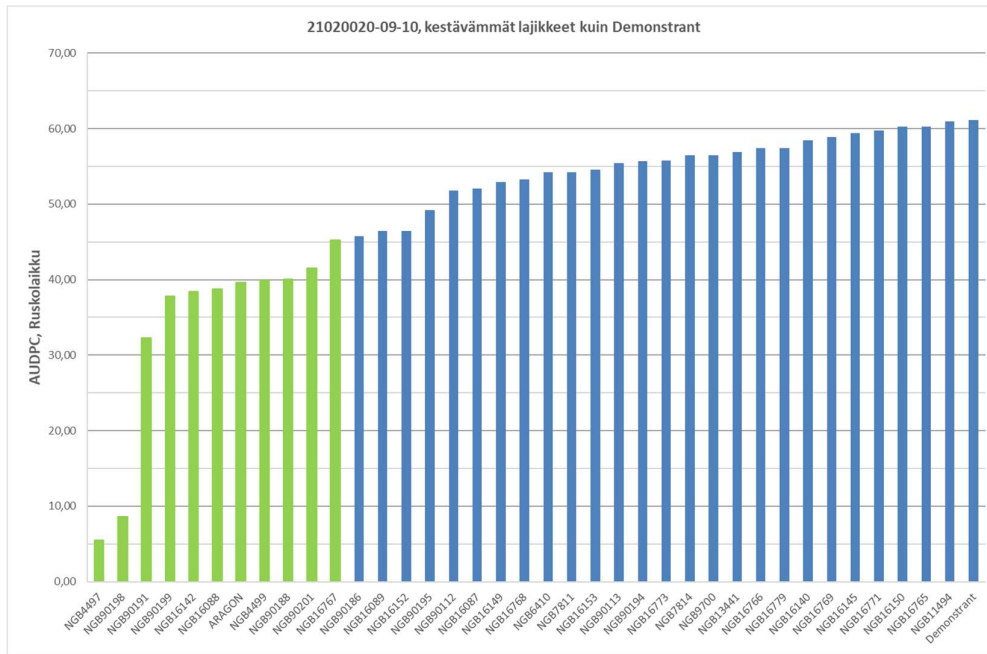
Kuva 6

Genotyyppiaineiston ruskolaikun kehitys mittarilajikkeisiin (Demonstrant, Trappe ja Anniina) nähden. Vihreät palkit osoittavat genotyypit, joiden AUDPC-arvo oli tilastollisesti merkitsevästi pienempi kuin Demonstrant-lajikkeella.

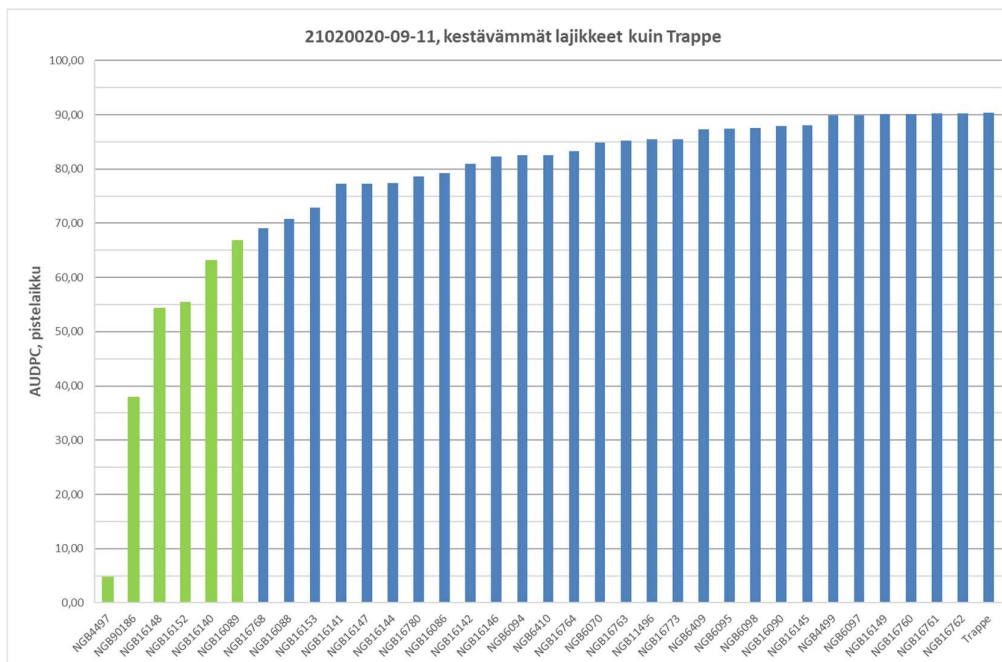


Kuva 7. Genotyyppiaineiston pistelaikun kehitys mittarilajikkeisiin (Trappe, Demonstrant, Anniina) nähden. Vihreät palkit osoittavat genotyypit, joiden AUDPC-arvo oli tilastollisesti merkitsevästi pienempi kuin Trappe-lajikkeella.

Sekä ruskolaikkua kestäviä että mittarilajike Demonstrantia kestävämpiä kevätvehnägenotyypppejä löytyi kokeesta 21020020-09-10 yhteensä 37 kappaletta. Näistä 11 genotyypillä AUDPC-arvo on tilastollisesti merkitsevästi pienempi kuin Demonstrant lajikkeella. (Kuva 8). Pistelaikkua mittarilajike Trappea kestävämpiä genotyypppejä löytyi kokeesta 21020020-09-11 yhteensä 34 kappaletta. Näistä kuuden genotyypin AUDPC-arvo on tilastollisesti merkitsevästi pienempi kuin Trappe-lajikkeella (Kuva 9).



Kuva 8. Ruskolaikkuja Demonstrantia paremmin kestävät kevätvehnän genotyypit. Lajikkeet, joiden AUDPC-arvo oli tilastollisesti merkitsevästi pienempi kuin Demonstrant-lajikkeella, oli yhteensä 10 kappaletta (vihreät palkit).

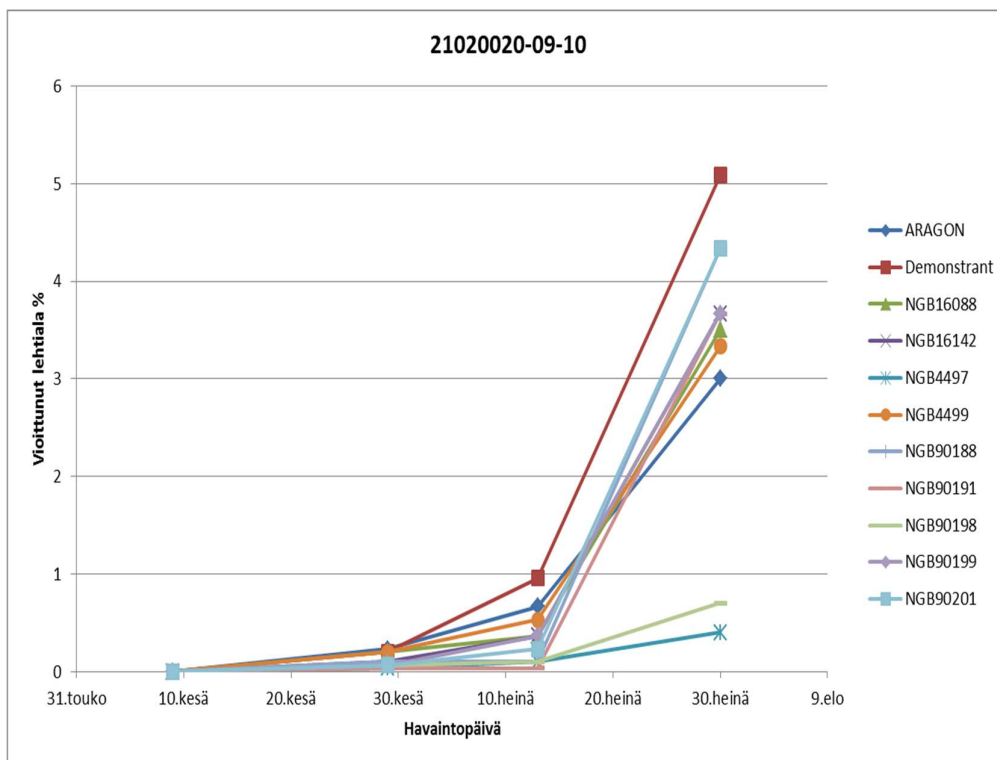


Kuva 9. Pistelaikkuja Trappea paremmin kestävät kevätvehnän genotyypit. Lajikkeet, joiden AUDPC-arvo oli tilastollisesti merkitsevästi pienempi kuin Trappe-lajikkeella, oli yhteensä 6 kappaletta (vihreät palkit).

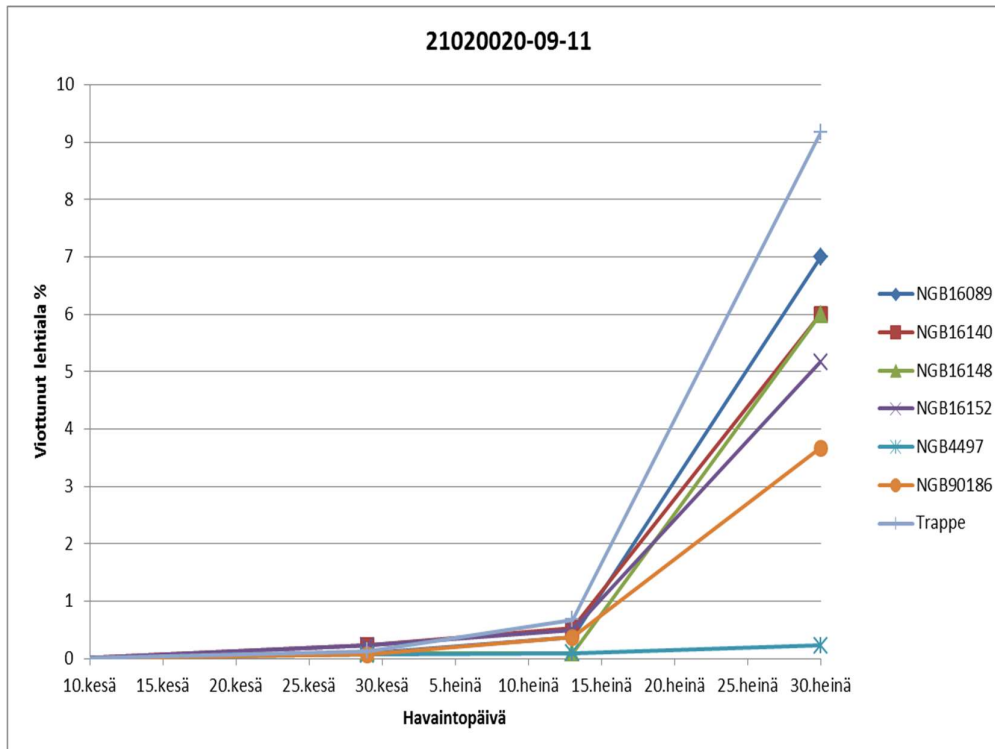
8.3 Taudinkestävimmät genotyypit ja niiden vertailu

Vehnän lehtilaikkutauteja hyvin kestävät maatisvehnät olivat kotoisin Kiinasta ja Ruotsista. Tosin ruskolaikkua vastaan löytyi kestävyttä myös espanjalaisesta maatisvehnästä nimeltään Aragon. Erinomainen sekä pistelaikun että ruskolaikun kestävyys havaittiin gotlantilaisella yksijyvävehnällä (NGB 4497).

Mittarilajikkeesta sekä taudinkestävimmistä genotyypeista tehtiin taudinetenemiskuvaajat, joissa näkyvät kaikki kolme havaintokertaa. Viimeinen eli kolmas havaintokerta erottelee linjat selkeimmin (Kuva 10). Muutos ensimmäisen ja toisen havaintokerran välillä on melko pieni, varsinkin pistelaikun osalla (Kuva 11).



Kuva 10. Tilastollisesti kestävimmit linjat ruskolaikkua vastaan ja niiden vertailu taudinkehityksen suhteen. Kolmannen havainnon perusteella selvästi hitaammin ruskolaikku eteni gotlantilaisessa yksijyvävehnässä NGB 4497 ja kiinalaisessa maatisvehnässä NGB 90198.



Kuva 11. Tilastollisesti kestävimät linjat pistelaikkua vastaan ja niiden vertailu taudinkehityksen suhteen. Kolmannen havainnon perusteella selvästi hitaimmin pistelaikku eteni gotlantilaisessa yksijyvëvehnässä NGB 4497. Seuraavat kaksi kestävimää olivat NGB 90186 (kiinalainen maatisvehnä) ja NGB 16152 (ruotsalainen maatisvehnä).

9 TULOSTEN TARKASTELU

Mittarilajikkeet toimivat peltokokeessa odotetulla tavalla. Mittarilajikkeista kestävin ruskolaikkua vastaan oli Demonstrant ja pistelaikkua vastaan kestävin oli Trappe. Mittarilajikkeista alttein molemmille lehtilaikkutaudeille oli Anniina. Tulokset tukevat MTT:n tekemää Viljalajikkeiden herkkyys tautitartunnalle -tutkimusraporttia (Kangas ym. 2008).

Hill Plot -koeruudet toimivat hyvin ja olivat hyvä valinta koetyypiksi, kun kylvössä oli suuri määrä genotyyppisiä geenipankkikokoelmista, kuten Novoselović ym. (2007) tutkimuksessaan myös suosittelevat. Enemmistö kevätvehnän maatisista iti ja kasvoi hyvin perustetussa peltokokeessa, eli ne viihtyivät ja sopivat suomalaisiin pelto-olosuhteisiin. Kokeen kasvustot olivat pensasmaiset ja otolliset tartutukseen ja taudin etenemiseen. Lehtilaikkutaudit lähtivät tartutuksen jälkeen

etenemään ensin altteimmissa yksilöissä ja sekä pistelaikulle että ruskolaikulle ominaisia oireita pystyi silmämääräisesti hyvin havainnoimaan.

Maatiaisten kesken esiintyi taudinkestävyudessa runsaasti vaihtelua. Peltokokeessa oli sekä hyvin alttiita mutta myös kestäviä maatiaiskantoja. Peltokokeessa kevätvehnän maatiaiset eivät olleet homogeenisiä vaan hyvin heterogeenisiä, mikä ilmeni mm. itävyyden ja kasvunkehityksen eroina; osa ei ehtinyt kehittää tähkää, myös tähkätyypit vaihtelivat ja samoin kasvien väri sekä mm. lehden karvaisuudessa oli eroja. Heterogeenisyys saattoi osaltaan vaikuttaa tuloksiin. Kokeissa oli lajikkeita, jotka eivät itäneet ollenkaan. Osassa näkyi myös muita kasvitauteja, kuten härmä ja keltaruoste, jotka olivat hyvin yleisiä kesällä 2009 lehtilaikkutautien lisäksi. Nämä ovat saattaneet vaikuttaa lehtilaikkutautien etenemiseen.

Kevätvehnien kasvurytmissä oli huomattavia eroja samoin kuin kasvien fysiologisessa ulkomuodossa; osa maatiaisvehnistä jäi hyvin heikkokortiseksi ja osassa oli hyvin mitätön tähkä. Tämä vahvistaa hyvin sen, että maatiaisviljat poikkeavat jalostetuista lajikkeista laajemman vaihtelun vuoksi. Ne ovat aikojen kuluessa kehittyneet ja muovautuneet vuorovaikutuksessa ympäristön kanssa. Paikalliset kannat voivat olla hyvinkin erityispiirteisiä.

Maatiaislajikkeista löydettiin ruskolaikun ja pistelaikun kestäviä maatiaisvehniä, joiden AUDPC-arvot olivat tilastollisesti merkitsevästi pienempiä kuin mittarilajikkeiden (Trappe, Demonstrant). Tutkimus sisälsi vain yhden vuoden ja yhden koepaikan tuloksen, joten tulokset pitäisi varmistaa toisissa ympäristöoloissa ja jatkaa useamman kasvukauden ajan. Jatkotutkimuksiin tämän tutkimuksen perusteella valittaisiin kaikki kestävinä mittarilajiketta kestävämmät linjat. Tämän tutkimuksen havaintojen perusteella ruskolaikkua ja pistelaikkua hyvin kestävät genotyypit valitaan kasvihuoneessa tehtäviin jatkotutkimuksiin, joissa genotyypit testataan yksittäisillä taudinaiheuttajaisolaateilla.

Geenipankkeihin säilöttyjen maatiaislajikkeiden karakterisointia ja testausta on tehty paljon maailmalla etenkin kasvihuoneessa. Singh ym. (2006) tutkijaryhmineen identifioi ja löysi uusia vehnän lehtilaikkutautien resistenssilähteitä geneettisesti monimuotoisilla genotyypeilla, mm. vehnän tietyillä villoilla vehnän sukulaislajeilla. Kasvihuonekokeessa Ali ym. (2008) tunnistivat neljä genotyyppiä, jotka olivat uusia kestävyyslähteitä vehnän kolmelle tärkeimmälle lehtilaikkutaudille

(pistelaikku, ruskolaikku, harmaalaikku). Ympäri maailmaa kerätyissä maatiaisvehnissä on löydetty ja tunnistettu valtavasti potentiaalia, mikä varmasti parantaa vehnän geneettistä monimuotoisuutta ja kestävyyttä tulevaisuudessa (Halder ym. 2019).

Maatiaislajikkeista ja villilajeista kestävyyttä siirrettäessä on mahdollista, nk. yield penalty, jolloin kestävyydellä voi olla haitallinen vaikutus sadon muodostukseen. Näin on havaittu esimerkiksi joillain härmänkestävyyslähteillä (Brown 2002). Valintatyössä joudutaan punnitsemaan useiden eri tekijöiden painoarvoa jalostustavoitteiden mukaan.

Maatiaislajikkeiden halutut ominaisuudet tuodaan lajikkeisiin esijalostuksen avulla. Se tarkoittaa takaisinristeytysohjelmia ja monen kasvisukupolven ajan kestävää valintatyötä. Perinteisesti valintaan perustuva takaisinristeytys voi olla hidasta ja kallista. Geenimerkeillä voidaan tehostaa takaisinristeytysohjelmaa (Lande 1990). Jotta geenimerkkejä voitaisiin hyödyntää prosessissa, löydetyiltä taudinkestävyyslähteiltä tulee kartoittaa resistenssiä koodaava geenialue mahdollisimman tarkasti. Taudinkestävyyttä koodaavan geenialueen löytämistä varten tehdään kartoituspopulaatioita, jotka ovat usein taudinkestävän ja alttiin linjan risteytysjälkeläistöjä. Jälkeläistöistä muodostetut RILs-linjat (recombinant inbred lines) fenotyyppitetään taudin esiintymisen osalta ja genotyyppitetään olemassa olevilla geenimerkeillä. Lähemmällä tulosten tarkastelulla saadaan varmistettua taudinkestävyuden löytyminen ja todennetaan taudinkestävyuden geenialue. Takaisinristeytyksessä käytettävät valintageenimerkit ovat mahdollisimman lähellä taudinkestävyysgeenejä, koska eksoottiset maatiaslajikkeet tuovat usein mukanaan huonoja ominaisuuksia (linkage drag) (Forster ym. 2014, Lande 1990).

Genomiseen ennustamiseen perustuvilla tekniikoilla voitaisiin hyödyntää geenipankkiaineistoja vieläkin paremmin, mikä on hyvin kiinnostavaa juuri tällä hetkellä tapahtuvaa tutkimusta geenipankkiaineistojen ympärillä (Yu 2016).

10 JOHTOPÄÄTÖKSET

Viljalajikkeiden taudinkestävyys on kasvinjalostuksen keskeisimpiä tavoitteita. Maatiaisvehnistä löydettiin lehtilaikkutautien kestävyyttä ilmentäviä genotyypppejä. NordGen-geenipankin aineiston

karakterisointi lehtilaikkutaudinaiheuttajia vastaan on tärkeää pioneerityötä Suomessa. Kestävien maatisvehnien risteyttäminen Suomessa viljeltäviin lajikkeisiin lisäisi niiden viljelyvarmuutta ja toisi näin uusia parempia lajikkeita viljelyyn.

Koska Euroopassa viljeltävissä kevätvehnälaajikkeissa on lehtilaikkutaudin-kestävyydessä kehitettävää, pitää taudinkestävyyden lähteiden etsintää jatkaa entistä laajemmin maatis- ja villilajeista sekä samalla kehittää uusia taudinkestävyyden seulontamuotoja ja tekniikoita.

Lopullisena tavoitteena on kuitenkin varmistaa, että satotasot ja viljelyvarmuus pysyvät hyvinä ja varmistetaan kotimaisen laadukkaan kevätvehnän jalostus ja tuotanto Suomessa. Suomalaista työtä ja tutkimusta viljojen taudinkestävyyden ja taudinkestävyydsjalostuksen parissa tarvitaan tulevaisuudessakin muun muassa ilmastonmuutoksen aiheuttaman haasteen torjumiseksi.

11 KIITOKSET

Ilman hyviä ohjaajia ja rohkaisua graduni ei olisi valmistunut. Suuret kiitokset ohjaajalleni erikoistutkija, MMT, Marja Jallille. Kiitokset Luonnonvarakeskukselle ja Hyötygeeni-hankkeelle sekä Boreal kasvinjalostus Oy:lle. Kiitokset Helsingin yliopistolle ja kasvipatologian professori, MMT, Jari Valkoselle, joka Maataloustieteen laitoksen puolesta antoi luvan gradututkimukseni tekemiseen.

Suurimmat ja nöyrimmät kiitokseni haluan esittää edesmenneelle erikoistutkija, yliopiston lehtori, MMT, Asko Hannukkalalle. Hän avusti, tuki ja ohjasi minua tutkimusaineistoni tilastollisessa analyysissä sekä sienitautitermistössä. Ilman Askon avuliaisuutta ja ammattitaitoa ei graduni olisi nyt valmis. Suuri kunnioitus ja rauha Askon muistolle.

Tutkimusaineistoni keräykseen ja mm. peltokokeen perustamiseen vaikuttivat paljon myös Luonnonvarakeskuksessa Jokioisilla työskentelevät Auli Kedonperä sekä muut tekniset tutkimustyöntekijät ja lisäkädet pellolla. Lämmin kiitos heille kaikille perehdyttämisestä ja kaikista opeista kesän 2009 aikana. Kesä 2009 Jokioisilla oli kaiken kaikkiaan yksi suurimmista ja laajimmista kasvipatologian kursseista, joihin olen osallistunut.

Imu työelämään kesken gradun kirjoituksen oli niin voimakas, että työnteko hieman häytti graduni tekoa ja valmistumista. Jokaisessa työpaikassani minua muistutettiin, että gradu kannattaa loppuun saattaa ja valmistua. Siksi haluankin esittää suuret kiitokset myös entisille työnantajilleni ja ihanille kollegoille Lantmännen Agrossa, Farmit Networks Oy:ssä ja ViljelijänBernerillä. Suuri kiitos rohkaisusta ja motivoinnista gradun tekoon sekä valmistumiseen kuuluu myös nykyiselle työnantajalleni Yara Suomi Oy:lle.

Sampsa ry:n 100-vuotis historiikin takakannessa lukee ”Aika tekee agronomin”, se jos mikä pitää minun kohdallani enemmän kuin paikkansa. Kiitos kaikille mahtaville opiskelukavereille ja kollegoille, jotka Viikki, MMTDK, Sampsa ja Latokylä ovat tielleni tuoneet tällä pitkällä opintomatkillani maatalouden maailmaan. Kaunis kiitos myös lapsuuden ystävät sekä vanhemmat ja sisareni, jotka aina olette jaksaneet tsemmata, rohkaista ja tukea minua opinnoissani. Usko on horjunut sekä minulla itsellä että sivustaseuraajilla, mutta nyt voin ylpeänä sanoa, että gradu on valmis.

12 LÄHTEET

- Ahvenniemi, P. 2012. Ajankohtaisia kasvinsuojeluohjeita. 15. uud. p. painos. Jokioinen: Kasvinsuojeluseura.
- Alanko, A., Autio, S., Huusela-Veistola, E., Jalli, H., Jalli, M., Junnila, S., Markkula, I., Mäkinen, T., Räsänen, K. & Tiilikka, K. 2013, Integroitu kasvinsuojelu (IPM) ja riskienhallinta viljanviljelyssä. MTT Raportti 107. Jokioinen, Finland: MTT Agrifood Research Finland. 48 s.
- Ali, S., K. 2008. Resistance to multiple leaf spot diseases in wheat. *Euphytica*, 2008, Vol.159(1), pp.167-179 159: 167-179.
- Bathgate, J. 2001. Ascospores are a source of inoculum of *Phaeosphaeria nodorum*, *P. avenaria* f. sp. *avenaria* and *Mycosphaerella graminicola* in Western Australia. *Australasian Plant Pathology* 30: 317-322.

- Bockus, W. W., Bowden, R., Hunger, R., Murray, T. & Smiley, R. 2010. Compendium of wheat diseases and pests. American Phytopathological Society (APS Press).
- Bonafaccia, G., Galli, V., Francisci, R., Mair, V., Skrabanja, V. & Kreft, I. 2000. Characteristics of spelt wheat products and nutritional value of spelt wheat-based bread. *Food Chemistry* 68: 437-441.
- Bourguet, D. 2016. Combining Selective Pressures to Enhance the Durability of Disease Resistance Genes. *Frontiers In Plant Science* 7.
- Brown-Guedira, G. L. 1996. Evaluation of a collection of wild timopheevi wheat for resistance to disease and arthropod pests. *Plant Disease* 80: 928-933.
- Brown, J. K. M. 2002. Yield penalties of disease resistance in crops. 339-344.
- Brown, J. K. M. 2011. Plant-Parasite Coevolution: Bridging the Gap between Genetics and Ecology. *Annual Review of Phytopathology* 49: 345-367.
- Büschges, R. 1997. The Barley Mlo Gene: A Novel Control Element of Plant Pathogen Resistance. *Cell* 88: 695-705.
- Duczek, L. J. 1999. Survival of leaf spot pathogens on crop residues of wheat and barley in Saskatchewan. *Canadian Journal Of Plant Pathology-revue Canadienne De Phytopathologie*, 1999, Vol.21(2), pp.165-173 21: 165-revue.
- Eyal, Z. 1987. The septoria diseases of wheat. Concepts and methods of disease management. CIMMYT.
- FAO 2019 FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations FAOSTAT, <http://www.fao.org/faostat/en/#home> Viitattu 26.4.2020.
- Faris, J. D., Zhang, Z., Lu, H., Lu, S., Reddy, L., Cloutier, S., Fellers, J. P., Meinhardt, S. W., Rasmussen, J. B., Xu, S. S., Oliver, R. P., Simons, K. J. & Friesen, T. L. 2010. A unique wheat disease resistance-like gene governs effector-triggered susceptibility to necrotrophic pathogens. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 107: 13544-13549.

- Feng, J. 2004. Genetics of Resistance to *Stagonospora Nodorum* Blotch of Hexaploid Wheat. *Crop Science* 44: 2043-2048.
- Forster, B.P., Till, B.J., Ghanim, A.M.A., Huynh, H.O.A., Burstmayr, H., Caligari, P.D.S. 2014. Accelerated plant breeding. *CAB Reviews* 9: 1-16.
- Frac. 2020. FRAC Recommendations for Resistance Management. <https://www.frac.info/fungicide-resistance-management> Viitattu 9.5.2020.
- Friebe, B., Jiang I.J., Raupp X.J., McIntosh R.A. & Gill, B. S. 1996. Characterization of wheat-alien translocations conferring resistance to diseases and pests: current status. *Euphytica* 91: 59-87.
- Friesen, T. L., Faris, J. D., Solomon, P. S. & Oliver, R. P. 2008. Host-specific toxins: effectors of necrotrophic pathogenicity. *Cellular microbiology* 10: 1421-1428.
- Friesen, T. L. 2005. Population genetic analysis of a global collection of *Pyrenophora tritici-repentis*, causal agent of tan spot of wheat. *Phytopathology* 95: 1144-1150.
- Friesen, T. L. & Faris, J. D. 2010. Characterization of the wheat-*Stagonospora nodorum* disease system: what is the molecular basis of this quantitative necrotrophic disease interaction?†. *Canadian Journal of Plant Pathology* 32: 20-28.
- Hakala, K., Hannukkala, A. O., Huusela-Veistola, E., Jalli, M. & Peltonen-Sainio, P. 2011. Pests and diseases in a changing climate: a major challenge for Finnish crop production. *Special Issue Alien pest species in agriculture and horticulture in Finland* 20: 3-14.
- Halder, J., Zhang, J., Ali, S., Sidhu, J., Gill, H., Talukder, S., . . . Sehgal, S. (2019). Mining and genomic characterization of resistance to tan spot, *Stagonospora nodorum* blotch (SNB), and *Fusarium* head blight in Watkins core collection of wheat landraces. *BMC Plant Biology*, 19(1)
- Hane, J. 2007. Dothideomycete-plant interactions illuminated by genome sequencing and EST analysis of the wheat pathogen *Stagonospora nodorum*. *Plant Cell* 19: 3347-3368.
- Hosford, R. M. 1990. Effect of wheat genotype, leaf position, growth stage, fungal isolate and wet period on tan spot lesions. *Plant Disease*, 1990, Vol.74(5), pp.385-390 74: 385-390.

- Huitu, H., Jalli, M., Teye, F., Suomi, P., Thessler, S., Linkolehto, R. & Erlund, P. 2012. Säähavainto- ja sääennustetieto kasvinsuojelun apuna. Teoksessa: Nina Schulman ja Heini Kauppinen (toim.). Esitelmät ja posterit. (Maataloustieteen Päivät, 10.-11.1.2012 Viikki, Helsinki). Maataloustieteellisen seuran tiedote: 1-4.
- Jalli, M. & Laine, P. 2011. Viljojen lehtilaikkutaudit ja fungisidiresistenssi. Kasvinsuojelulehti 44, 1/2011: 6-7.
- Jalli, M., Laitinen, P. & Latvala, S. 2011. The emergence of cereal fungal diseases and the incidence of leaf spot diseases in Finland. Agricultural and Food Science 20: 62-73.
- Jalli, M. 2008. Vehnän kasvinsuojelun muuttuneet haasteet. Suomen Maataloustieteellisen Seuran Tiedote .
- Jalli, M. 2012. Viljelykierron vaikutus vehnän kasvintuhoojien esiintymiseen. Suomen Maataloustieteellisen Seuran Tiedote : 1-7.
- Jeger, M. J. & V., S.L.H 2001. The use of the area under the disease-progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars. Theoretical and Applied Genetics 102: 32-40.
- Jones, J. D. & Dangl, J. L. 2006. The plant immune system. Nature 444: 323-329.
- Jorgensen, L. N. & Olsen, L. V. 2007. Control of tan spot (*Drechslera tritici-repentis*) using cultivar resistance, tillage methods and fungicides. Crop Protection; 2007.
- Jørgensen, I. 1992. Discovery, characterization and exploitation of Mlo powdery mildew resistance in barley. Euphytica 63: 141-152.
- Kangas, A., Laine, A., Niskanen, M., Salo, Y., Vuorinen, M., Jauhinainen, L. & Nikander, H. 2008. Viljalajikkeiden herkkyys tautitartunnoille virallisissa lajikekokeissa 2001-2008. MTT:n selvityksiä 161. Tampere: MTT. 36 s.
- Krupinsky, J. M. 1992a. Grass hosts of *Pyrenophora-tritici-repentis*. Plant Disease, 1992, Vol.76(1), pp.92-95 76: 92-95.

- Krupinsky, J. M. 1992b. Aggressiveness of *Pyrenophora-tritici-repentis* isolated from grass and barley hosts. *Plant Disease* 76: 783-789.
- Krupinsky, J. 2004. Leaf spot diseases of barley and spring wheat as influenced by preceding crops. *Agronomy Journal* 96: 259-266.
- Lagudah, E. 2006. Molecular genetic characterization of the Lr34/Yr18 slow rusting resistance gene region in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 114: 21-30.
- Laine, A. 2011. Spatial variation in disease resistance: from molecules to metapopulations. *The Journal of Ecology* 99: 96.
- Lamari, L. 2003. The identification of two new races of *Pyrenophora tritici-repentis* from the host center of diversity confirms a one-to-one relationship in tan spot of wheat. *Phytopathology*, 2003, Vol.93(4), pp.391-396 93: 391-396.
- Lande, R. & T., R. 1990. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics* 124: 743.
- Liu, Z., Friesen, T. L., Ling, H., Meinhardt, S. W., & al, e. 2006. The Tsn1 ToxA interaction in the wheat *Stagonospora nodorum* pathosystem parallels that of the wheat - tan spot system. *Genome* 49: 1265-1273.
- Luonnonvarakeskus. 2020. Kasvinsuojeluaineiden käyttö maatalous- ja puutarhatuotannossa 2018. <https://stat.luke.fi/tilasto/4081> Viitattu 24.05.2020
- Miedaner, T. 2012. Marker-Assisted Selection for Disease Resistance in Wheat and Barley Breeding. *Phytopathology* 102: 560-566.
- Muthe, S. 2016. Molecular marker based detection of leaf rust resistance gene Lr34 in Indian bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Australasian Plant Pathology* 45: 369-376.
- Mäkinen, T., Autio, S., Erlund, P., Junnila, S., Laitinen, P., Markkula, I., Räsänen, K. & Tiilikkala, K. 2013, Poliitiikkakatsaus kasvinsuojeluaineiden kestävästä käytöstä: päivitetty 30.9.2013. MTT Raportti 20. Jokioinen, Finland: MTT Agrifood Research Finland. 42 s.

- Navarro, L., Zipfel, C., Rowland, O., Keller, I., Robatzek, S., Boller, T. & Jones, J. D.G. 2004. The transcriptional innate immune response to flg22. Interplay and overlap with Avr gene-dependent defense responses and bacterial pathogenesis. *Plant Physiology* 135: 1113-1128.
- Novoselović, D., Drezner, G., Lalić, A., Grljušić, S. & Gunjača, J. (2007). Comparison of Different Planting Methods in Relation to Grain Yield of Wheat. *Cereal Research Communications*, 35(1), pp. 141-149.
- Oliver, R. E., Cai, X., Wang, R., Xu, S. S. & Friesen, T. L. 2008. Resistance to Tan Spot and Stagonospora nodorum Blotch in Wheat-Alien Species Derivatives. *Plant Disease* 92: 150.
- Peltonen-Sainio, P., Jauhiainen, L. & Hakala, K. 2008. Climate change and prolongation of growing season: changes in regional potential for field crop production in Finland. *Agricultural and Food Science* 18: 171-190.
- Perttu, A. 2013. Lajikkeiden taudinkestävyys vaatii vuosien työn. *Maaseudun tiede* 1/2013 vol.70: s.15
- Rousi, A. 1997. Auringonkukasta viiniköynnökseen : ravintokasvit. Porvoo: WSOY. 390 s s.
- Ruibal-Mendieta, N. L., Delacroix, D. L., Mignolet, E., Pycke, J., Marques, C., Rozenberg, R., Petitjean, G., Habib-Jiwan, J., Meurens, M. & Quetin-Leclercq, J. 2005. Spelt (Triticum aestivum ssp. spelta) as a source of breadmaking flours and bran naturally enriched in oleic acid and minerals but not phytic acid. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 53: 2751-2759.
- Ruokavirasto. 2019. Sertidoidulla siemenellä paras tulos. https://www.ruokavirasto.fi/globalassets/tietoa-meista/julkaisut/esitteet/kasvit/sertifioitu_siemen_tulos.pdf Viitattu 9.5.2020
- Salamini, F., Özkan, H., Brandolini, A., Schäfer-Pregl, R. & Martin, W. 2002. Genetics and geography of wild cereal domestication in the Near East. *Nature Reviews Genetics* 3: 429-441.
- Schilder, A., M. 1995. Seed transmission of Pyrenophora tritici-repentis , causal fungus of tan spot of wheat. *European Journal of Plant Pathology*, 1995, Vol.101(1), pp.81-91 101: 81-91.

- Schoch, C., Crous, P., Groenewald, J., Boehm, E., Burgess, T., de Gruyter, J., . . . Li, Y. (2009). A class-wide phylogenetic assessment of Dothideomycetes. *Studies in Mycology*, 64(1), pp. 1-15.
- Seppänen, M. 2008. Peltokasvien tuotanto. Helsinki: Opetushallitus. 206 s.
- Simko, I. & P., H.-P. 2012. The area under the disease progress stairs: calculation, advantage, and application. *Phytopathology* 102: 381.
- Simmonds, N. W. 1976. Evolution of crop plants. repr. 1979. painos. London: Longman. 339 s s.
- Singh, P. K. 2006. Identification of new sources of resistance to tan spot, *Stagonospora nodorum* blotch, and *Septoria tritici* blotch of wheat.(Author abstract). *Crop Science* 46: 2047.
- Singh, R. P. 2011. The emergence of Ug99 races of the stem rust fungus is a threat to world wheat production. *Annual Review of Phytopathology* 49: 465.
- Stukenbrock, E. 2009. Population Genetics of Fungal and Oomycete Effectors Involved in Gene-for-Gene Interactions. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 22: 371-380.
- Suomen virallinen tilasto (SVT) 2019: Käytössä oleva maatalousmaa 2019, alueittainen ennakkotieto [verkkojulkaisu]. Helsinki: Luonnonvarakeskus (LUKE) [viitattu: 26.4.2020].
Saantitapa: https://stat.luke.fi/käytössä-oleva-maatalousmaa-2019-alueittainen-ennakkotieto_fi
- Tack, A. 2014. Spatial eco-evolutionary feedback in plant-pathogen interactions. *European Journal of Plant Pathology* 138: 667-677.
- Tomerlin, J. R. 1984. Resistance to *Erysiphe graminis* f. sp. tritici, *Puccinia recondita* f. sp. tritici, and *Septoria nodorum* in wild *Triticum* species. *Plant disease*. 68: 10-13.
- Tukes. 2020. Maataloudessa käytettävien kasvinsuojeluaineiden myynti Suomessa vuosina 1953-2017 (pdf)
<https://tukes.fi/documents/5470659/6372801/Kasvinsuojeluaineiden+myynti+maatalousk%C3%A4ytt%C3%B6n+Suomessa+v.+1953-2017/521e9fec-264c-13b0-7a06->

5a6b44ba11ef/Kasvinsuojeluaineiden+myynti+maatalousk%C3%A4ytt%C3%B6nC3%B6n+Suo
 messa+v.+1953-2017.pdf Viitattu 25.4.2020

Valkonen, J., Bremer, K. & Tapio, E. 1996. Kasvi sairastaa : oppi kasvitaudeista. Helsinki: Yliopistopaino. 179 s.

Wit, P. 2007. How plants recognize pathogens and defend themselves. Cellular and Molecular Life Sciences 64: 2726-2732.

Xu, S. S. 2004. Seedling resistance to tan spot and Stagonospora nodorum blotch in synthetic hexaploid wheats.(Plant Genetic Resources). Crop Science 44: 2238.

Yu, X. 2016. Genomic prediction contributing to a promising global strategy to turbocharge gene banks. Nature plants 2: 16150.

Zadoks, J.C., Chang, T.T. & Konzak, C.F. 1974. A decimal code for the growth stages of cereals. Weed Research 14:415-421.

13 LIITTEET

Liite 1: Maataiskevätvehnäaineisto (Seeds from the Nordic Genetic Resource Center. TraNum: 3578, Date: 2009-04-22. NordGen)

Accession	Name	Species	Origin	Germination (%)
NGB43	MONOLA ME1301	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Finland	100
NGB120	SARKALAHTI ME0101	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Finland	82
NGB2125	BÄ~RSUM	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Norway	99
NGB4497	ENKORNSVETE FRÅN GOTLAND	Triticum monococcum ssp. monococcum L.	Sweden	93
NGB4498	ENKORNSVETE FRÅN GOTLAND	Triticum monococcum ssp. monococcum L.	Sweden	
NGB4499	EMMERVETE FRÅN GOTLAND	Triticum turgidum ssp. dicoccon (Schrank) Thell.	Sweden	
NGB4811	RISH-I-LUM K.94	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	96
NGB4831	FARAH	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Afghanistan	91
NGB6058	MK 1-002	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	93
NGB6059	MK 1-014	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	97
NGB6060	MK 1-056	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6061	MK 1-057	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6062	MK 1-058	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6063	MK 1-059	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6064	MK 1-060	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6065	MK 1-202	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	66
NGB6066	MK 1-203	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6067	MK 1-204	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6068	MK 1-205	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6069	MK 1-206	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6070	MK 1-207	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99

NGB6071	MK 1-208	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6072	MK 1-209	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6073	MK 1-210	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	96
NGB6074	MK 1-211	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	95
NGB6075	MK 1-217	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6076	MK 1-219	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	
NGB6077	MK 1-222	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	96
NGB6078	MK 1-223	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6079	MK 1-224	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	97
NGB6080	MK 1-225	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6081	MK 1-256	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6082	MK 1-257	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6083	MK 1-258	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6084	MK 1-259	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	96
NGB6085	MK 1-260	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	96
NGB6086	MK 1-261	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6087	MK 1-262	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	92
NGB6088	MK 1-263	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6089	MK 1-264	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	93
NGB6090	MK 1-265	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	96
NGB6091	MK 1-401	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	89
NGB6092	MK 1-402	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	96
NGB6093	MK 1-403	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6094	MK 1-404	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6095	MK 1-405	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100

NGB6096	MK 1-406	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6097	MK 1-407	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6098	MK 1-410	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6099	MK 1-411	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6100	MK 1-441	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6101	MK 1-442	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6102	MK 1-443	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6103	MK 1-444	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6104	MK 1-445	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6105	MK 1-447	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6106	MK 1-450	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6107	MK 1-451	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6108	MK 1-452	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6109	MK 1-454	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6110	MK 1-457	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6111	MK 1-460	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6112	MK 1-462	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6113	MK 1-464	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6114	MK 1-465	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6115	MK 1-466	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6116	MK 1-467	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6117	MK 1-469	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB6118	MK 1-470	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6119	MK 1-471	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB6409	HALLAND	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98

NGB6410	DALARNA	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6673	LANTVETE FRÅN DALARNA	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB6674	LANTVETE FRÅN HALLAND	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB7206	ZEBAK K.111	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	99
NGB7209	KVL 8053	Triticum aestivum ssp.compactum (Host) McKey		
NGB7216	DAULATABAD K.194	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	98
NGB7220	FAISOBAD K.96	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	99
NGB7221	JIJA	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	99
NGB7800	MK 1-001	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB7801	MK 1-009	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB7802	MK 1-201	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	89
NGB7803	MK 1-212	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB7804	MK 1-214	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	92
NGB7805	MK 1-228	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	
NGB7806	MK 1-270	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB7807	MK 1-408	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB7808	MK 1-409	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB7809	MK 1-453	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB7810	MK 1-455	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB7811	MK 1-456	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB7812	MK 1-461	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	96
NGB7813	MK 1-474	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	
NGB7814	MK 1-701	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	86
NGB7815	MK 1-703	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	78
NGB7816	MK 1-704	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99

NGB7817	MK 1-751	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB7818	MK 1-752	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	86
NGB8219	ATSHENU K.145	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	96
NGB9080	PANDSHIR K.157	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	100
NGB9665	MARJID-I-TOLI K.229	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	99
NGB9700	KVL 8930	Triticum aestivum ssp. spelta (L.) Thell.	Denmark	98
NGB9708	DALA	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB9717	FARAH BAZAR K.225	Triticum aestivum L., nom. cons.	Afghanistan	100
NGB11084	MK 1-005	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB11484	MK 1-006	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB11485	MK 1-221	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11486	MK 1-226	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11487	MK 1-227	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11488	MK 1-267	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11489	MK 1-268	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11490	MK 1-269	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11491	MK 1-449	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11492	MK 1-458	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11493	MK 1-463	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11494	MK 1-601	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11495	MK 1-604	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11496	MK 1-610	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11497	MK 1-702	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB11498	MK 1-756	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB13441	VASTERGOTLAND	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	90

NGB16085	MK 1-213	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	94
NGB16086	MK 1-218	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	93
NGB16087	MK 1-448	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	95
NGB16088	MK 1-459	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16089	MK 1-468	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16090	MK 1-757	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	90
NGB16108	MK 1-030	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	88
NGB16140	MK 1-446	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB16141	MK 1-472	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16142	MK 1-761	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB16144	MK 1-763	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16145	MK 1-764	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB16146	MK 1-802	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16147	MK 1-804	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16148	MK 1-805	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16149	MK 1-806	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16150	MK 1-810	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB16151	MK 1-811	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16152	MK 1-815	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16153	MK 1-816	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	99
NGB16759	MK 1-008	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16760	MK 1-010	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16761	MK 1-018	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16762	MK 1-018	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16763	MK 1-022	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100

NGB16764	MK 1-023	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16765	MK 1-028	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16766	MK 1-031	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16767	MK 1-232	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16768	MK 1-233	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16769	MK 1-234	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16770	MK 1-236	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	98
NGB16771	MK 1-753	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16772	MK 1-2824	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16773	MK 1-755	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16774	MK 1-760	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	94
NGB16775	MK 1-766	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16776	MK 1-807	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16777	MK 1-807	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	
NGB16778	MK 1-807	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	88
NGB16779	MK 1-808	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16780	MK 1-818	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB16781	MK 1-473	Triticum aestivum ssp. aestivum L.	Sweden	100
NGB90112	H 8702	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	72
NGB90113	H 8703	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	96
NGB90186	H 8262	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	100
NGB90187	H8269	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	98
NGB90188	H 8271	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	98
NGB90190	H 8287	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	92
NGB90191	H 8289	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	96

NGB90192	H 8295	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	96
NGB90193	H 8296	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	100
NGB90194	H 8298	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	92
NGB90195	H 8300	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	92
NGB90196	H 8305	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	100
NGB90197	H 8310	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	100
NGB90198	H 8311	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	35
NGB90199	H 8322	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	80
NGB90200	H 8326	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	
NGB90201	H 8349	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	
NGB90533	H 8350	Triticum aestivum L., nom. cons.	China	
ARAGON	ARAGON		Spain	

Liite 2: Kasvuastetaulukko (Zadoks ym. 1974, BBCH (BASF, Bayer, Ciba-Geigy, Hoechst))

Asteikko	Kuvaus
0	Itäminen
00	Kuiva siemen = jyvä
01	Jyvä alkanut imeä vettä
03	Veden imeytyminen päättynyt
05	Sirkkajuuri kasvanut esiin alkiosta
06	Sirkkajuuri pidentynyt, juurikarvoja ja/tai juuren haaroja näkyvissä
07	Itutuppi kasvanut jyvästä.
09	Orastuminen: itutuppi tunkeutumassa maanpinnalle
1	Lehdistön kehittyminen
10	Ensimmäinen lehti tunkeutunut itutupesta
11	1. lehti täysin avautunut
12	2. lehti täysin avautunut
13	3. lehti täysin avautunut
..	..
19	9. tai useampia lehtiä täysin avautunut
2	Sivuersojen muodostuminen
20	Ei sivuersoja
21	Versoutumisen alku: 1. sivuerso näkyvissä
22	2. sivuersoa näkyvissä
23	3. sivuersoa näkyvissä
..	..
29	9 tai useampia sivuersoja näkyvissä
3	Korrenkasvu= pääversion pituuskasvu
30	Korren pituuskasvu alkamassa: pääverso ja sivuersot pystyt, 1. solmuväli alkaa pidentyä
31	1.solmuaste muodostunut: alimman= 1. solmuvälin pituus on yli 1cm, toinen solmuväli vielä alle 2cm.
32	2.solmuaste: toinen solmuväli yli 2cm, 3.solmuväli alle 2cm
33	3.solmuaste: 3. solmuväli yli 2cm, 4. solmuväli alle 2cm
..	..
36	6.solmuväli yli 2cm
37	Lippulehti alkaa näkyä, mutta on vielä avautumaton.
39	Lippulehtiaste: Lippulehti täysin avautunut, kieleke juuri näkösällä
4	Lippulehden tupen paisuminen
41	Varhaisvaihe: lippulehden tuppi laajenee
43	Keskivaihe: lippulehden tuppi alkanut paisua
45	Myöhäisvaihe: lippulehden tuppi paisunut
47	Lippulehden tuppi haljennut
49	Tähkän ensimmäiset kaleet tai vihneiden kärjet juuri näkösällä

5 Tähkälle/röyhylle tulo

- 51 Tähkälle/röyhylle tulon alku
- 53 30% tähkästä/röyhystä esillä
- 55 Tähkälle/röyhylle tulon keskivaihe: 50 % tähkästä/röyhystä esillä
- 57 70 % tähkästä/röyhystä esillä
- 59 Tähkälle/röyhylle tulon loppuvaihe: koko tähkä ulkona tupesta

6 Kukinta

- 61 Kukinta alkamassa: ensimmäiset heteet näkyvissä
- 65 Täyskukinta 50% heteistä näkyvissä
- 69 Kukinta päättynyt: kaikki tähkylät ovat kukkineet (joitakin kuivuneita heteitä saattaa näkyä)

7 Siementen kehittyminen

- 71 Vetinen jyvä: ensimmäiset jyvät ovat saavuttaneet puolet lopullisesta koostaan
- 73 Aikainen maitotuleentumisvaihe
- 75 Maitotuleentumisen keskivaihe: jyvän sisus maitomaista, jyvä saavuttanut lopullisen kokonsa, mutta on vielä vihreä
- 77 Myöhäinen maitotuleentumisvaihe

8 Siementen tuleentuminen

- 83 Alkava taikinavaihe
- 85 Pehmeä taikinavaihe: jyvän sisältö pehmeää, mutta kuivaa, kynnenpainaman jälki ei pysy
- 87 Kova taikinavaihe: jyvän sisältö kiinteytynyt, kynnenpainama jää pysyvästi
- 89 Täystuleentunut: jyvä kova, vaikea katkaista peukalon kynnellä

9 Ylituleentuminen

- 92 Ylituleentunut jyvä erittäin kova, ei voi katkaista kynnellä
- 93 Jyvät alkavat kuivalla säällä varista
- 97 Kasvusto kuollut ja ränsistynyt
- 99 Korjattu sato

Liite 3: Viljojen kasvitautien havainnointi pellolla (NIAB)

Viljojen kasvitautien havainnointi pellolla							
Kasvitautien määrän arviointi viljoilla (NIAB & Marja Jalli)							
NIAB -asteikko	%a pinta-alasta	VERKKOLAIKKU	RENGASLAIKKU	KAURANLEHTILAIKKU JA LEHTILAIKKUTAUDIT SYYS- JA KEVÄTVEHNÄLLÄ	HÄRMÄ	KELTARUOSTE	RUSKEARUOSTE
0	0			Kasvustossa / lehdillä ei oireita			
1	0.1	1 pieni laikku / 10 kasviyksilöä	1 pieni laikku / 10 kasviyksilöä	1 pieni laikku / 10 kasviyksilöä	3 pesäkettä / 10 kasviyksilöä	1 viiru / kasviyksilö	25 pesäkettä / kasviyksilö
2	0.5	1 pieni laikku / 5 kasviyksilöä	1 laikku / 5 kasviyksilöä	1 pieni laikku / kasviyksilö	1-2 pesäkettä / lehti	1 viiru / lehti	50 pesäkettä / lehti
3	1	1 pieni laikku / kasviyksilö	1 laikku / kasviyksilö	2 pientä laikkuja / kasviyksilö	5 pesäkettä / lehti	2 viirua / lehti	100 pesäkettä / lehti
4	5	2 alinta lehteä n. 25% taudin peitossa, ylhäällä yksittäisiä laikkuja	yksittäisiä laikkuja, noin 2 / lehti	pienet laikut yhdistyvät ja peittävät lehden levyisen alan	2 alinta lehteä n. 25% taudin peitossa	koko kasvusto yksittäisiä lippulehtiä lukuunottamatta keltaruosteessa	Lippulehdellä useita pesäkkeitä, mutta väri enemmän vihreä
5	10	2 alinta lehteä n. 25% taudin peitossa, ylhäällä useita laikkuja	laikut liittyvät toisiinsa, vihreä yleiskuva	2 alinta lehteä - noin 1/3 taudin peitossa	2 alinta lehteä n. 50% taudin peitossa	koko kasvusto saanut tartunnan, lehdet vihreitä	lippulehden väri enemmän ruskea kuin vihreä
6	25			vajaa puolet lehdistä taudin peitossa			
7	50			lehdet vaikuttavat enemmän tautisilta kuin terveiltä			
8	75			hyvin vähän vihreää lehtisolukkoa jäljellä			
9	100			lehdet kuolleet, ei vihreää solukkoa jäljellä			